

1632



00766.000043

PATENT APPLICATION

IN THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

In re Application of:

AKIHIRO UMEZAWA, ET AL.

Application No.: 09/749,728

Filed: December 28, 2000

For: THE CELL HAVING THE
POTENTIALITY OF
DIFFERENTIATION INTO
CARDIOMYOCYTES

) : Examiner: Ram R. Shukla

) : Group Art Unit: 1632

RECEIVED

AUG 08 2003

TECH CENTER 1600/2900

: August 6, 2003

Commissioner for Patents
P.O. Box 1450
Alexandria, VA 22313-1450

CLAIM TO PRIORITY

Sir:

Applicants hereby claim priority under the International Convention and all rights to which they are entitled under 35 U.S.C. § 119 based upon the following Japanese Priority Applications:

No. 11-372826 filed December 28, 1999; and

No. PCT/JP00/01148 filed February 28, 2000.

Certified copies of the priority documents are enclosed.

Applicants' undersigned attorney may be reached in our New York office by telephone at (212) 218-2100. All correspondence should continue to be directed to our address given below.

Respectfully submitted,



Attorney for Applicants
Lawrence S. Perry
Registration No. 31,865

FITZPATRICK, CELLA, HARPER & SCINTO
30 Rockefeller Plaza
New York, New York 10112-3801
Facsimile: (212) 218-2200

NY_MAIN 368009v1

日本国特許庁

JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類は下記の出願書類の謄本に相違ないことを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application: 2000年 2月28日

出願番号
Application Number: PCT/JP00/01148

出願人
Applicant(s): 協和醸酵工業株式会社

梅澤 明弘

秦 順一

福田 恵一

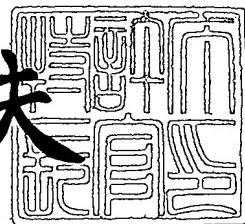
小川 聰

桜田 一洋

2003年 7月 17日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今井康夫



出証平 15-500198

受理官庁用写し

特許協力条約に基づく国際出願

願書

出願人は、この国際出願が特許協力条約に従って処理されることを請求する。

国際出願番号	PCT/JP 00/01148
国際出願日	28.02.00
(受付印)	PCT International Application 日本国特許庁
出願人又は代理人の書類記号 (希望する場合、最大12字)	1217

第Ⅰ欄 その他の名称:

心筋細胞への分化能を有する成体骨髄由来細胞

第Ⅱ欄 出願人

氏名(名称)及びあて名: (姓・名の順に記載; 法人は公式の完全な名称を記載; あて名は郵便番号及び国名も記載)
協和醸酵工業株式会社
KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.
 〒100-8185 日本国東京都千代田区大手町一丁目6番1号
 6-1, Otemachi 1-chome, Chiyoda-ku, Tokyo 100-8185 Japan

この欄に記載した者は、
発明者でもある。

電話番号:
03-3282-0036

ファクシミリ番号:
03-3282-1527

加入電信番号:

国籍(国名):

日本国 JP

住所(国名):

日本国 JP

この欄に記載した者は、次の
指定国についての出願人である:
 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

第Ⅲ欄 その他の出願人又は発明者

氏名(名称)及びあて名: (姓・名の順に記載; 法人は公式の完全な名称を記載; あて名は郵便番号及び国名も記載)

この欄に記載した者は
次に該当する:
 出願人のみである。
 出願人及び発明者である。
 発明者のみである。
(ここにレ印を付したときは、以下に記入しないこと)

国籍(国名):

日本国 JP

住所(国名):

日本国 JP

この欄に記載した者は、次の
指定国についての出願人である:
 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

その他の出願人又は発明者が続葉に記載されている。

第Ⅳ欄 代理人又は共通の代表者、通称のあて名

次に記載された者は、国際機関において出願人のために行動する:

 代理人 共通の代表者

氏名(名称)及びあて名: (姓・名の順に記載; 法人は公式の完全な名称を記載; あて名は郵便番号及び国名も記載)

電話番号:

ファクシミリ番号:

加入電信番号:

通知のためのあて名: 代理人又は共通の代表者が選任されておらず、上記欄内に特に通知が送付されるあて名を記載している場合は、レ印を付す。

第三回欄の続き その他の出願人又は発明者

この欄を記載しないときは、この用紙を顎書に含めないこと。

氏名（名称）及びあて名：（姓・名の順に記載；法人は公式の完全な名称を記載；あて名は郵便番号及び国名も記載）

秦 順一 HATA Jun-ichi

〒141-0031 日本国東京都品川区西五反田 2-13-10

2-13-10, Nishigotanda, Shinagawa-ku, Tokyo 141-0031 Japan

この欄に記載した者は、
次に該当する： 出願人のみである。 出願人及び発明者である。 発明者のみである。
(ここに印を付したときは、以下に記入しないこと)

国籍（国名）： 日本国 JP

住所（国名）： 日本国 JP

この欄に記載した者は、次の

 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

指定期についての出願人である：

福田 恵一 FUKUDA Keiichi

〒176-0006 日本国東京都練馬区栄町 3-2

3-2, Sakae-cho, Nerima-ku, Tokyo 176-0006 Japan

この欄に記載した者は、
次に該当する： 出願人のみである。 出願人及び発明者である。 発明者のみである。
(ここに印を付したときは、以下に記入しないこと)

国籍（国名）： 日本国 JP

住所（国名）： 日本国 JP

この欄に記載した者は、次の

 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

指定期についての出願人である：

小川 聰 OGAWA Satoshi

〒157-0066 日本国東京都世田谷区成城 5-12-15

5-12-15, Seijo, Setagaya-ku, Tokyo 157-0066 Japan

この欄に記載した者は、
次に該当する： 出願人のみである。 出願人及び発明者である。 発明者のみである。
(ここに印を付したときは、以下に記入しないこと)

国籍（国名）： 日本国 JP

住所（国名）： 日本国 JP

この欄に記載した者は、次の

 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

指定期についての出願人である：

桜田 一洋 SAKURADA Kazuhiro

〒194-8533 日本国東京都町田市旭町3丁目6番6号

協和醸酵工業株式会社 東京研究所内

c/o Tokyo Research Laboratories

KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.

6-6, Asahi-machi 3-chome, Machida-shi, Tokyo

194-8533 Japan

この欄に記載した者は、
次に該当する： 出願人のみである。 出願人及び発明者である。 発明者のみである。
(ここに印を付したときは、以下に記入しないこと)

国籍（国名）： 日本国 JP

住所（国名）： 日本国 JP

この欄に記載した者は、次の

 すべての指定国 米国を除くすべての指定国 米国のみ 追記欄に記載した指定国

指定期についての出願人である：

 その他の出願人又は発明者が他の統葉に記載されている。

第V欄 国の指定

4.9(a)の規定に基づき次の指定を行う（該当する□に印を付すこと；少なくとも1つの□に印を付すこと）。

△ 特許手許年

- A P A R I P O 牛字書年 : G H ガーナ Ghana, G M ガンビア Gambia, K E ケニア Kenya, L S レソト Lesotho, M W マラウイ Malawi, S D スーダン Sudan, S L シエラ・レオーネ Sierra Leone, S Z スワジランド Swaziland, U G ウガンダ Uganda, Z W ジンバブエ Zimbabwe, 及びハラレプロトコルと特許協力条約の締約国である他の国
- E A ニーラシア 牛字書年 : A M アルメニア Armenia, A Z アゼルバイジャン Azerbaijan, B Y ベラルーシ Belarus, K G キルギス Kyrgyzstan, K Z カザフスタン Kazakhstan, M D モルドヴァ Republic of Moldova, R U ロシア Russian Federation, T J タジキスタン Tajikistan, T M トルクメニスタン Turkmenistan, 及びユーラシア特許条約と特許協力条約の締約国である他の国
- E P ヨーロッパ 牛字書年 : A T オーストリア Austria, B E ベルギー Belgium, C H and L I スイス及びリヒテンスベイン Switzerland and Liechtenstein, C Y キプロス Cyprus, D E ドイツ Germany, D K デンマーク Denmark, E S スペイン Spain, F I フィンランド Finland, F R フランス France, G B 英国 United Kingdom, G R ギリシャ Greece, I E アイルランド Ireland, I T イタリア Italy, L U ルクセンブルグ Luxembourg, M C モナコ Monaco, N L オランダ Netherlands, P T ポルトガル Portugal, S E スウェーデン Sweden, 及びヨーロッパ特許条約と特許協力条約の締約国である他の国
- O A O A P I 牛字書年 : B F ブルキナ・ファソ Burkina Faso, B J ベナン Benin, C F 中央アフリカ Central African Republic, C G コンゴ Congo, C I コートジボアール Côte d'Ivoire, C M カメルーン Cameroon, G A ガボン Gabon, G N ギニア Guinea, G W ギニア・ビサオ Guinea-Bissau, M L マリ Mali, M R モーリタニア Mauritania, N E ニジェール Niger, S N セネガル Senegal, T D チャード Chad, T G トーゴ Togo, 及びアフリカ知的所有権機関のメンバ国と特許協力条約の締約国である他の国（他の種類の保護又は取扱いを求める場合には点線上に記載する）

△ 内牛字書年（他の種類の保護又は取扱いを求める場合には点線上に記載する）

- A E アラブ首長国連邦 United Arab Emirates
- A L アルバニア Albania
- A M アルメニア Armenia
- A T オーストリア Austria
- A U オーストラリア Australia
- A Z アゼルバイジャン Azerbaijan
- B A ボスニア・ヘルツェゴビナ Bosnia and Herzegovina
- B B バルバドス Barbados
- B G ブルガリア Bulgaria
- B R ブラジル Brazil
- B Y ベラルーシ Belarus
- C A カナダ Canada
- C H and L I スイス及びリヒテンスベイン Switzerland and Liechtenstein
- C N 中国 China
- C U キューバ Cuba
- C Z チェコ Czech Republic
- D E ドイツ Germany
- D K デンマーク Denmark
- E E エストニア Estonia
- E S スペイン Spain
- F I フィンランド Finland
- G B 英国 United Kingdom
- G D グレナダ Grenada
- G E グルジア Georgia
- G H ガーナ Ghana
- G M ガンビア Gambia
- H R クロアチア Croatia
- H U ハンガリー Hungary
- I D インドネシア Indonesia
- I L イスラエル Israel
- I N インド India
- I S アイスランド Iceland
- J P 日本 Japan
- K E ケニア Kenya
- K G キルギス Kyrgyzstan
- K P 北朝鮮 Democratic People's Republic of Korea
- K R 韓国 Republic of Korea
- K Z カザフスタン Kazakhstan
- L C セント・ルシア Saint Lucia
- L K スリ・ランカ Sri Lanka

- L R リベリア Liberia
- L S レソト Lesotho
- L T リトアニア Lithuania
- L U ルクセンブルグ Luxembourg
- L V ラトヴィア Latvia
- M D モルドヴァ Republic of Moldova
- M G マダガスカル Madagascar
- M K マケドニア旧ユーゴースラヴィア共和国 The former Yugoslav Republic of Macedonia

- M N モンゴル Mongolia
- M W マラウイ Malawi
- M X メキシコ Mexico
- N O ノルウェー Norway
- N Z ニュー・ジーランド New Zealand
- P L ポーランド Poland
- P T ポルトガル Portugal
- R O ルーマニア Romania
- R U ロシア Russian Federation
- S D スーダン Sudan
- S E スウェーデン Sweden
- S G シンガポール Singapore
- S I スロヴェニア Slovenia
- S K スロヴァキア Slovakia
- S L シエラ・レオーネ Sierra Leone
- T J タジキスタン Tajikistan
- T M トルクメニスタン Turkmenistan
- T R トルコ Turkey
- T T トリニダッド・トバゴ Trinidad and Tobago
- U A ウクライナ Ukraine
- U G ウガンダ Uganda
- U S 米国 United States of America

- U Z ウズベキスタン Uzbekistan
- V N ヴィエトナム Viet Nam
- Y U ユーゴースラヴィア Yugoslavia
- Z A 南アフリカ共和国 South Africa
- Z W ジンバブエ Zimbabwe

- 以下の□は、この様式の施行後に特許協力条約の締約国となった国を指定するためのものである
- C R コスタリカ Costa Rica M A モロッコ Morocco
- D M ドミニカ Dominica
- T Z タンザニア Tanzania

指定の確認の宣言：出願人は、上記の指定に加えて、規則4.9(b)の規定に基づき、特許協力条約の下で認められる他の全ての国の指定を行う。ただし、この宣言から除く旨の表示を追記欄にした場合は、指定から除かれる。出願人は、これらの追加される指定が確認を条件としていること、並びに優先日から1ヶ月が経過する前にその確認がなされない場合は、この期間の超過時に、出願人によって取り下げられたものとみなされることを宣言する。（指定の確認は、宿題を対応する通知の提出と指定手数料及び確認手数料の納付からなる。この確認は、優先日から1ヶ月以内に受理官庁へ提出しなければならない。）

第VI欄 先の出願日 (日、月、年)		先の出願番号	先の出願		
			国内出願：国名	広域出願：*広域官庁名	国際出願：受理官庁名
(1) 28.12.99	平成11年特許願 第372826号		日本国 JP		
(2)					
(3)					

上記()の番号の先の出願(ただし、本出願出願が提出されるる受理官庁に対して提出されたものに限る)のうち、次の()の番号のものについては、出願書類の認証原本を作成し国際事務局へ送付することを、受理官庁(日本国特許庁の長官)に対して請求している。

(1)

*先の出願が、ARIPOの特許出願である場合には、その先の出願を行った工業所有権の保護のためのパリ条約同族国の少なくとも1ヶ国を追記欄に表示しなければならない(規則4.10(b)(ii))。追記欄を参照。

第VII欄 国際調査機関 (ISA) の選択		先の調査結果の利用許可文；当該調査の料金(先の調査が、国際調査機関によって既に実施又は請求されている場合)		
ISA / JP		出願日(日、月、年)	出願番号	国名(又は広域官庁)

第VIII欄 用紙合計：出願の言語		
この国際出願の用紙の枚数は次のとおりである。		
順書	4枚	この国際出願には、以下にチェックした書類が添付されている。
明細書(配列表を除く)	45枚	1. <input checked="" type="checkbox"/> 手数料計算用紙
請求の範囲	7枚	2. <input checked="" type="checkbox"/> 納付する手数料に相当する特許印紙を貼付した書面
要約書	1枚	3. <input type="checkbox"/> 国際事務局の口座への振込みを証明する書面
図面	0枚	4. <input type="checkbox"/> 別個の記名押印された委任状
明細書の配列表	98枚	5. <input type="checkbox"/> 包括委任状の写し
合計	155枚	6. <input type="checkbox"/> 記名押印(署名)の説明書
		7. <input checked="" type="checkbox"/> 寄託された微生物又は他の生物材料に関する書面
		8. <input checked="" type="checkbox"/> スクレオチド又はアミノ酸配列表(フレキシブルディスク)
		9. <input checked="" type="checkbox"/> その他(書類名を詳細に記載する) 陳述書、フレキシブルディスクの記録形 式等の情報を記載した書面

要約書とともに提示する図面：	本国際出願の使用言語名：日本語
----------------	-----------------

第IX欄 提出出願の書類の記入欄	
各人の氏名(名称)を記載し、その後に押印する。	
協和醸酵工業株式会社	秦 順一
梅澤 明弘	小川 聰
福田 恵一	桜田 一洋

1. 国際出願として提出された書類の実際の受理の日	受理官庁：広域官庁 28.02.00		2. 図面
3. 国際出願として提出された書類を補完する書類又は図面であって その後期間内に提出されたものの実際の受理の日(訂正日)			<input type="checkbox"/> 受理された
4. 特許協力条約第11条(2)に基づく必要な補完の期間内の受理の日			<input type="checkbox"/> 不足図面がある
5. 出願人により特定された 国際調査機関	ISA / JP	6. <input type="checkbox"/> 調査手数料未払いにつき、国際調査機関に 調査用写しを送付していない	

記載原本の受取の日

出願人又は代理人の書類記号 1217	国際出願番号
-----------------------	--------

寄託された微生物に関する表示
(PCT規則13の2)

A. 以下に示される表示は、明細書中に言及されている微生物に関するものである。

13 頁、 10 行

B. 寄託の表示 他の寄託が別紙に記載されている

寄託機関の名称 通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所

寄託機関のあて名（郵便番号及び国名を含む）

日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号（郵便番号305-8566）

寄託の日付 22.02.00	受託番号 F E R M B P - 7 0 4 3
-------------------	-------------------------------

C. 追加の表示（該当しない場合には記載しない） この情報は別紙に続いている

ヨーロッパ特許が求められているそれぞれの指定国については、寄託微生物の標本の分譲は欧州特許を付与する旨の告示が公表されるまで、又は欧州特許出願が拒絶され、取下げられ若しくは取下げられたとみなされる日まで標本の請求人により指名された専門家に分譲することによってのみ可能である（Rule 28 (4) EPC）。

D. この表示を行うための指定国（すべての指定国のために行わない場合）

E. 追加事項の表示の提出（該当しない場合には記載しない）

下記の表示は後に国際事務局に届け出る予定である。（例えば「受託番号」のように表示事項を明記する）

受理官庁記入欄	国際事務局記入欄
<input checked="" type="checkbox"/> この用紙は国際出願とともに受理した	<input type="checkbox"/> この用紙が国際事務局に受理された日
権限のある職員 山口義雄	権限のある職員

国際様式

INTERNATIONAL FORM

BUDAPEST TREATY ON THE INTERNATIONAL RECOGNITION OF THE DEPOSIT OF MICROORGANISMS FOR THE PURPOSES OF PATENT PROCEDURE

[特許手続上の微生物の寄託の国際的承認
に関するブダペスト条約]

下記国際寄託当局によって規則7.1に従い
発行される。

原寄託についての受託証

氏名（名称） 協和醸酵工業株式会社
取締役社長 平田 正
寄託者 殿
あて名 東京都千代田区大手町一丁目6番1号

RECEIPT IN THE CASE OF AN ORIGINAL DEPOSIT

issued pursuant to Rule 7.1 by the INTERNATIONAL DEPOSITORY AUTHORITY identified at the bottom of this page.

1. 微生物の表示	
(寄託者が付した識別のための表示) B M S C	(受託番号) F E R M B P - 7 0 4 3
2. 科学的性質及び分類学上の位置	
1欄の微生物には、次の事項を記載した文書が添付されていた。 ■ 科学的性質 ■ 分類学上の位置	
3. 受領及び受託	
本国際寄託当局は、平成12年2月22日（原寄託日）に受領した1欄の微生物を受託する。	
4. 移管請求の受領	
本国際寄託当局は、 年 月 日（原寄託日）に1欄の微生物を受領した。 そして、 年 月 日に原寄託よりブダペスト条約に基づく寄託への移管請求を受領した。	
5. 国際寄託当局	
<p>通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所</p> <p>名 称： National Institute of Bioscience and Human-Technology Agency of Industrial Science and Technology</p> <p>所 長 大 管 信 一 Dr. Shigeo Onishi Director-General</p> <p>あて名： 日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号（郵便番号305-8566） 1-3, Higashi 1 chome Tsukuba-shi Ibaraki-ken 305-8566, JAPAN</p> <p>平成12年(2000) 2月22日</p>	

明 細 書

心筋細胞への分化能を有する成体骨髓由来細胞

技術分野

本発明は、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の単離、精製、培養、分化誘導法に関する。また本発明は、各種サイトカイン、転写因子などを用いた、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の増殖方法および心筋細胞への分化を制御する方法に関する。本発明はさらに、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に特異的な表面抗原の取得方法、該表面抗原をコードする遺伝子の取得方法、該表面抗原特異的な抗体の取得方法、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の増殖および心筋細胞への分化に関与する蛋白質および遺伝子の取得方法に関する。本発明はまた、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を用いた各種心臓疾患の治療薬に関する。

背景技術

心筋細胞は、出生前は自律拍動しながら活発に細胞分裂を行っている。しかし、出生と同時にその分裂能は喪失し、肝細胞のように再び細胞分裂能を獲得することはなく、また骨格筋細胞とも異なり衛星細胞といった未分化な前駆細胞を持つこともない。従って、心筋梗塞、心筋炎または老化等に伴い心筋細胞が壊死すると、生体内では残存心筋細胞の細胞分裂ではなく細胞の肥大がおきる。心肥大は初期においては生理的適応であるが、また共存する心線維芽細胞の増殖による間質の線維化と相まって心臓自体の拡張機能の低下、さらには収縮機能の低下へと結びつき心不全を呈するようになる。心筋梗塞等による心不全のこれまでの治療は心収縮力の増強、血管拡張薬による心臓の圧負荷・容量負荷の軽減、利尿薬による血流量の減少等の対症療法を中心に行われてきた。これに対し、心臓移植は重症心不全に対する根本的な治療法であるが、臓器提供者の不足、脳死判定の難しさ、拒絶反応、医療費の高騰等の問題から心臓移植が一般的な医療に普及するのは簡単ではない。実際、心臓病は我が国の死亡原因の第3位となっており（厚生白書平成10年）、失われた心筋細胞を再生することができれば医療福祉の大きな前進につながると考えられる。

現在までに、心筋細胞の性質を保存した細胞株としては、心房性ナトリウム利尿ホルモン

ルモンのプロモーターに SV40 の large T 抗原を組み換えて作製したトランスジェニックマウスの心房に生じた腫瘍から株化された AT-1 細胞があげられる[Science, 239; 1029-1038 (1988)]。しかしながら、該細胞は *in vivo* に移植すると腫瘍を形成するため、細胞移植には適さないという問題がある。そこで、このような背景のもと、心筋を再構築するため以下の方法が考えられた。

1 つ目の方法は、心筋細胞以外の細胞を心筋細胞に変換する方法である。これは、線維芽細胞に MyoD を導入すると骨格筋細胞に変換できることから類推された。これまでに、マウスの胎児性癌細胞である P 19 細胞での成功例は示されているものの [Cell Struc. & Func., 21: 101-110 (1996)]、非ガン細胞での成功例は報告されていない。

2 つ目の方法は、心筋細胞に再び分裂能を付与する方法である。これは、胎児期に心筋が拍動しながら分裂できる現象に基づいている。しかしながら、これまでに成功例は報告されていない。

3 つ目の方法は、未分化な幹細胞から心筋細胞を誘導する方法である。すでに、胚性幹細胞 (ES 細胞) から心筋細胞を誘導できることが示されているが、胚性幹細胞自身を成体に移植するとカルシノーマを形成すること、抗原性などの問題が存在する [Nature Biotechnology, 17, 139-142 (1999)]。

従って、胚性幹細胞を現実の医療へと応用するためには、少なくとも心筋前駆細胞あるいは、心筋細胞を純粋に精製する技術が不可欠である。抗原性の問題はクローニングの技術により解決できる可能性は示唆されているが、煩雑な操作を必要とすることから一般的な医療への応用は容易ではない。

中絶胎児から未分化な細胞である心筋前駆細胞を取得して移植に用いる方法も考えられており、動物を用いた実験では心筋細胞として有効に機能することが知られている[Science, 264, 98-101 (1994)]。しかしながら、この方法で大量の心筋前駆細胞を取得することは困難であり、倫理の観点からも一般的な医療への応用は容易ではない。

成体骨髄には造血系幹細胞および血管幹細胞以外に間葉系幹細胞が存在し、間葉系幹細胞からは骨細胞、軟骨細胞、腱細胞、靭帯細胞、骨格筋細胞、脂肪細胞、ストローマ細胞、肝臓 oval 細胞が分化誘導できることが報告されている[Science, 284, 143-147 (1999); Science, 284, 1168-1170 (1999)]。一方、最近、マウス成体の骨髄から取得

した細胞から、心筋細胞が分化誘導できることが見い出された[J. Clinical Investigation, 103, 10-18 (1999)]。該報告は患者自身から骨髓液を取得して、in vitro で細胞培養および薬剤処理を行った後に、心臓の障害部位へ移植する細胞治療が現実的な医療として可能になることを示唆している[J. Clinical Investigation, 103, 591-592 (1999)]。しかしながら、該報告は、成体マウスの骨髓から樹立した不死化細胞の一部が心筋細胞に分化できることを示したものにすぎない。また、成体骨髓中の心筋細胞に分化する能力を有する細胞の特性の同定、該細胞を増殖する方法、該細胞から効率的に心筋細胞に分化誘導する方法については明らかでなかった[J. Clinical Investigation, 103, 591-592 (1999)]。

発明の開示

現在の心疾患治療より安全かつ確実な治療が望まれている。そこで、骨髓細胞中より心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を選別し、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の増殖または分化をコントロールすることは、骨髓由来の細胞を用いた心筋の再生治療の開発に有用である。そのために、骨髓中の細胞から心筋細胞への分化能を有する細胞を特定して、該細胞の増殖または分化に働くサイトカインまたは転写因子を同定することが必要である。

本発明者は上記問題点を開発すべく鋭意研究し、以下の結果を得た。すなわち、マウス骨髓由来の細胞株を、GFP(Green Fluorescent Protein)を発現するレトロウイルスベクターを用いて標識し、1つの細胞を蛍光顕微鏡下で追跡することで、心筋細胞への分化能を有する細胞が、心筋細胞および脂肪細胞の少なくとも2種類の異なる細胞を分化誘導できる多分化能(Purulipotent)を持った幹細胞であることを見い出した。また、同時に増殖性を有し、心筋細胞だけに分化する心筋幹細胞、および有限の細胞分裂能を有し、心筋細胞だけに分化する心筋前駆細胞が存在することも見い出した。さらに、該幹細胞は通常の培養条件下ではすでに報告されている5-アザシチジンだけでなく、DMSO (dimethyl sulfoxide) などの他のゲノム DNA の脱メチル化剤の投与によっても、確率的 (stochastic) に心筋細胞、脂肪細胞および骨格筋細胞の系列に分化することを見出し、ゲノム DNA の脱メチル化が骨髓由来の細胞からの心筋細胞への

分化誘導に有効であることを明らかにした。また確率的 (stochastic) な分化が、培養条件やサイトカインの投与、転写因子の強制発現などにより心筋細胞、脂肪細胞および骨格筋細胞への分化の効率を改変できることを見い出した。すなわち、血小板由来増殖因子(PDGF)等のサイトカインあるいは all-trans レチノイン酸の投与、またはフィブロネクチンでコートした培養皿で培養することにより、心筋細胞形成の割合を増加させることを見い出した。また、線維芽細胞増殖因子-2(FGF-2)の投与により、心筋細胞への分化を抑制できることも見い出した。

すなわち、本発明は以下の (1) ~ (96) を提供するものである。

- (1) 骨髄から単離され、心筋細胞に分化する能力を有する細胞。
- (2) 少なくとも心筋細胞と脂肪細胞に分化する能力を有する多分化能幹細胞である上記(1)記載の細胞。
- (3) 心筋細胞のみに分化誘導される心筋幹細胞である上記(1)記載の細胞。
- (4) 心筋細胞のみに分化誘導される心筋前駆細胞である上記(1)記載の細胞。
- (5) 心室筋細胞に分化する能力を有する、上記(1)記載の細胞。
- (6) 洞結節細胞に分化する能力を有する、上記(1)記載の細胞。
- (7) 骨髄がほ乳動物由来のものである、上記(1)記載の細胞。
- (8) ほ乳動物がヒト、ラットおよびマウスから選ばれるものである、上記(7)記載の細胞。
- (9) 細胞が、マウス骨髄由来幹細胞 BMSC (FERM BP-7043) である、上記(1)記載の細胞。
- (10) 染色体DNAの脱メチル化により心筋細胞に分化する能力を有する、上記(1)記載の細胞。
- (11) 染色体DNAの脱メチル化が、デメチラーゼ、5-アザシチジンおよびジメチルスルフォキシド(DMSO)からなる群から選ばれる少なくとも1種によるものであることを特徴とする、上記(10)記載の細胞。
- (12) デメチラーゼが、配列番号1記載で表されるアミノ酸配列を有するデメチラーゼである、上記(11)記載の細胞。
- (13) 胎児の心臓発生領域で発現している因子により心筋細胞の分化が促進され

る上記（1）記載の細胞。

（14） 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（13）記載の細胞。

（15） 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子により心筋細胞への分化が促進される、上記（1）記載の細胞。

（16） 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（15）記載の細胞。

（17） サイトカインが血小板由来増殖因子（PDGF）である、上記（14）または（16）記載の細胞。

（18） PDGFが配列番号3または5で表されるアミノ酸配列を有するPDGFである、上記（17）記載の細胞。

（19） 接着分子がフィブロネクチンである、上記（14）または（16）記載の細胞。

（20） ビタミンがレチノイン酸である、上記（14）または（16）記載の細胞。

（21） 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3およびTEF-5からなる群から選ばれるものである、上記（14）または（16）記載の細胞。

（22） Nkx2.5/Csxが配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するNkx2.5/Csxである、上記（21）記載の細胞。

（23） GATA4が配列番号11で表されるアミノ酸配列を有するGATA4である、上記（21）記載の細胞。

（24） MEF-2Aが配列番号13で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Aである、上記（21）記載の細胞。

（25） MEF-2Bが配列番号15で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Bである、上記（21）記載の細胞。

（26） MEF-2Cが配列番号17で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Cである、

上記（21）記載の細胞。

(27) MEF-2D が配列番号19で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2D である、
上記（21）記載の細胞。

(28) dHAND が配列番号21で表されるアミノ酸配列を有する dHAND である、
上記（21）記載の細胞。

(29) eHAND が配列番号23で表されるアミノ酸配列を有する eHAND である、
上記（21）記載の細胞。

(30) TEF-1 が配列番号25で表されるアミノ酸配列を有する TEF-1 である、
上記（21）記載の細胞。

(31) TEF-3 が配列番号27で表されるアミノ酸配列を有する TEF-3 である、
上記（21）記載の細胞。

(32) TEF-5 が配列番号29で表されるアミノ酸配列を有する TEF-5 である、
上記（21）記載の細胞。

(33) 線維芽細胞増殖因子-2 (FGF-2) により心筋細胞への分化が抑制される、
上記（1）記載の細胞。

(34) FGF-2 が配列番号7または8記載のアミノ酸配列を有する FGF-2 である、
上記（33）記載の細胞。

(35) 染色体DNAの脱メチル化剤を用いて、骨髓由来の細胞から心筋を形成する方法。

(36) 染色体DNAの脱メチル化剤が、デメチラーゼ、5-アザシチジンおよび
DMSO からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（35）
記載の方法。

(37) デメチラーゼが、配列番号1記載のアミノ酸配列で表されるデメチラーゼ
である、上記（36）記載の方法。

(38) 胎児の心臓発生領域で発現している因子を用いることを特徴とする、骨髓
由来の細胞から心筋を形成する方法。

(39) 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタ
ミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とす

る、上記（38）記載の方法。

（40） 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子を用いることを特徴とする、骨髓由来の細胞から心筋を形成する方法。

（41） 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（40）記載の方法。

（42） サイトカインが、PDGFである、上記（39）または（41）記載の方法。

（43） PDGFが配列番号3または5記載のアミノ酸配列で表されるPDGFである、上記（42）記載の方法。

（44） 接着分子がフィブロネクチンである、上記（39）または（41）記載の方法。

（45） ビタミンがレチノイン酸である、上記（39）または（41）記載の方法。

（46） 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3およびTEF-5からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴する、上記（39）または（41）記載の方法。

（47） Nkx2.5/Csxが、配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するNkx2.5/Csxである、上記（46）記載の方法。

（48） GATA4が、配列番号11で表されるアミノ酸配列を有するGATA4である、上記（46）記載の方法。

（49） MEF-2Aが、配列番号13で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Aである、上記（46）記載の方法。

（50） MEF-2Bが、配列番号15で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Bである、上記（46）記載の方法。

（51） MEF-2Cが、配列番号17で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Cである、上記（46）記載の方法。

（52） MEF-2Dが、配列番号19で表されるアミノ酸配列を有するMEF-2Dである、上記（46）記載の方法。

（53） dHANDが、配列番号21で表されるアミノ酸配列を有するdHANDである、

- 上記（46）記載の方法。
- (54) eHAND が、配列番号23で表されるアミノ酸配列を有するeHANDである、上記（46）記載の方法。
- (55) TEF-1 が、配列番号25で表されるアミノ酸配列を有するTEF-1である、上記（46）記載の方法。
- (56) TEF-3 が、配列番号27で表されるアミノ酸配列を有するTEF-3である、上記（46）記載の方法。
- (57) TEF-5 が、配列番号29で表されるアミノ酸配列を有するTEF-5である、上記（46）記載の方法。
- (58) 染色体DNAの脱メチル化剤を有効成分として含有することを特徴とする心筋形成剤。
- (59) 染色体DNAの脱メチル化剤が、デメチラーゼ、5-アザシチジンおよびDMSOからなる群から選ばれる少なくとも1種である、上記（58）記載的心筋形成剤。
- (60) デメチラーゼが、配列番号1記載のアミノ酸配列で表されるデメチラーゼである、上記（59）記載的心筋形成剤。
- (61) 胎児の心臓発生領域で発現している因子を有効成分として含有する心筋形成剤。
- (62) 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（61）記載的心筋形成剤。
- (63) 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子を有効成分として含有することを特徴とする心筋形成剤。
- (64) 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子が、サイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも1種であることを特徴とする、上記（63）記載的心筋形成剤。
- (65) サイトカインが、PDGFである、上記（62）または（64）記載的心筋形成剤。

(66) PDGF が配列番号 3 または 5 記載のアミノ酸配列で表される、上記(65)記載の心筋形成剤。

(67) 接着分子がフィブロネクチンである、上記(62)または(64)記載の心筋形成剤。

(68) ビタミンがレチノイン酸である、上記(62)または(64)記載の心筋形成剤。

(69) 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3 および TEF-5 からなる群から選ばれる、上記(62)または(64)記載の心筋形成剤。

(70) Nkx2.5/Csx が、配列番号 9 記載のアミノ酸配列で表される Nkx2.5/Csx である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(71) GATA4 が、配列番号 11 記載のアミノ酸配列で表される GATA4 である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(72) MEF-2A が、配列番号 13 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2A である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(73) MEF-2B が、配列番号 15 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2B である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(74) MEF-2C が、配列番号 17 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2C である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(75) MEF-2D が、配列番号 19 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2D である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(76) dHAND が、配列番号 21 記載のアミノ酸配列で表される dHAND である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(77) eHAND が、配列番号 23 記載のアミノ酸配列で表される eHAND である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(78) TEF-1 が、配列番号 25 記載のアミノ酸配列で表される TEF-1 である、上記(69)記載の心筋形成剤。

(79) TEF-3 が、配列番号 27 記載のアミノ酸配列で表される TEF-3 である、

上記（69）記載の心筋形成剤。

(80) TEF-5 が、配列番号 29 記載のアミノ酸配列で表される TEF-5 である、

上記（69）記載の心筋形成剤。

(81) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、心臓疾患により破壊された心臓を再生する方法。

(82) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を有効成分とする心臓再生治療薬。

(83) 心臓の先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子が導入された上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子を心筋へ特異的に輸送する方法。

(84) 心臓の先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子が導入された上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を有効成分として含有する心臓疾患治療薬。

(85) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を免疫原として用いることを特徴とする、該細胞を特異的に認識する抗体を取得する方法。

(86) 上記（85）記載の方法で取得された抗体を用いることを特徴とする、ヒト骨髄から心筋細胞への分化能を有する成体骨髄由来細胞を単離・精製する方法。

(87) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞に特異的な表面抗原を取得する方法。

(88) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞を増殖する因子をスクリーニングする方法。

(89) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞の心筋細胞への分化を誘導する因子をスクリーニングする方法。

(90) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞を不死化する因子をスクリーニングする方法。

(91) 上記（1）～（34）のいずれか 1 項に記載の細胞にテロメラーゼを発現させることを特徴とする、該細胞の不死化方法。

- (92) テロメラーゼが、配列番号31記載で表されるアミノ酸配列を有するテロメラーゼである上記(91)記載の方法。
- (93) テロメラーゼを発現させることにより、不死化させた上記(1)～(34)のいずれか1項に記載の細胞を有効成分として含有する心臓疾患治療薬。
- (94) テロメラーゼが、配列番号31記載で表されるアミノ酸配列を有するテロメラーゼである上記(93)記載の心臓疾患治療薬。
- (95) 上記(1)～(34)のいずれか1項に記載の細胞を含んだ培養上清。
- (96) 上記(95)記載の培養上清を用いることを特徴とする、上記(1)記載の細胞を心筋細胞に分化誘導する方法。

本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞とは、成体骨髄から単離された多分化能幹細胞、心筋幹細胞および心筋前駆細胞をいう。

多分化能幹細胞とは、心筋細胞および脂肪細胞の少なくとも2種類の異なる細胞を分化誘導できる細胞である。心筋幹細胞とは、増殖性を有し、心筋細胞だけに分化する能力を有する細胞である。心筋幹細胞に分化を誘導すると、心筋細胞および心筋幹細胞の2種類の細胞が形成される。心筋前駆細胞とは、有限の細胞分裂能を有し、心筋細胞だけに分化する能力を有する細胞である。心筋前駆細胞に分化を誘導すると心筋幹細胞とは異なり心筋細胞のみを形成する。

以下に、ヒト、ラット、マウスなどのほ乳類の成体骨髄から心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を単離する方法を説明する。

1. 心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の単離

ヒトの骨髄より心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を取得する方法としては、安全かつ効率的に取得される方法であれば特に限定されないが、S. E. Haynesworth et al. Bone, 13, 81 (1992)に記載された方法に基づき行うことができる。

胸骨または腸骨から骨髄穿刺を行う。骨髄穿刺を行う場所の皮膚面を消毒し、局所麻酔を行う。特に骨膜下を充分に麻酔する。骨髄穿刺針の内筒を抜き、5000unitsのヘパリンを入れた10ml注射器を装着して必要量の骨髄液を速やかに吸引する。平均的には10ml～20mlの骨髄液を吸引する。骨髄穿刺針を取り外し、10分間程圧迫止血す

る。取得した骨髓液を $1,000 \times g$ の遠心分離により骨髓細胞を回収した後、該骨髓細胞を PBS (Phosphate Buffered Saline) で洗浄する。本ステップを 2 回繰り返した後、該骨髓細胞を 10% の FBS (牛胎仔血清) を含む α -MEM (α -modified MEM)、DMEM (Dulbecco's modified MEM) あるいは IMDM (Isocove's modified Dulbecco's medium) 等の細胞培養用培地に再浮遊させることにより骨髓細胞液を得ることができる。

該骨髓細胞液から心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を単離する方法としては、溶液中に混在する他の細胞、例えば血球系細胞、造血幹細胞、血管幹細胞および線維芽細胞などを除去できれば特に限定されないが、M. F. Pittenger et al. Science, 284, 143 (1999) に記載された方法に基づき骨髓細胞液を密度 1.073 g/ml の percoll に重層した後、 $1,100 \times g$ で 30 分間遠心分離して界面の細胞を回収することにより単離することができる。また、該骨髓細胞液に $10 \times$ PBS を加えて 9/10 に希釈した percoll を同容量加えて混合した後に、 $20,000 \times g$ で 30 分間遠心分離し、密度 $1.075 \sim 1.060$ の画分を回収することにより、該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を含む骨髓細胞混合物を取得することができる。

上記方法により取得した該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を含む骨髓細胞混合物は、96 穴の培養プレートの各穴に 1 細胞のみが注入されるように希釈して、1 細胞由来のクローンを多数調製した後、以下に記載した心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞から心筋細胞を誘導する方法を用いて該クローンを処理し、自律拍動する細胞が出現するクローンを選択することにより、該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を得ることができる。多分化能幹細胞、心筋幹細胞および心筋前駆細胞は、後述する GFP (Green Fluorescent Protein) などのレポーター遺伝子を用いたシングルセル・マーキング (single cell marking) を行うことにより選別することができる。

ラットやマウスから心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を取得する方法としては、特に限定されないが以下の手順で取得することができる。ラットあるいはマウスを頸椎脱臼により致死させ、70% エタノールで充分消毒した後、大腿骨の皮膚ならびに大腿四頭筋を切除する。膝関節の部分にハサミをいれて関節をはずし、大腿骨背面の筋肉を除去する。股関節の部分にハサミを入れて関節を外し、大腿骨を取り出す。大腿骨に付着している筋肉をハサミでできるだけ除去した後、大腿骨の両端をハサミ

で切斷する。骨の太さに応じた適當なサイズの針を 2.5ml の注射器に装着し、10%の FBS (牛胎仔血清) を含む α -MEM、DMEM、あるいは IMDM 等の細胞培養用培地約 1.5ml を注射器に充填した後、注射針の先端を大腿骨の膝関節側の断端に差し込む。注射器内の培養液を骨髓内に注入することで、股関節側の断端から骨髓細胞が押し出される。得られた骨髓細胞はピベッティングにより培養液中に浮遊させる。該骨髓液からは、上記のヒト骨髓液からの骨髓細胞の単離と同様の方法により、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を単離することができる。以上的方法により単離した細胞の例としては、マウス骨髓由来幹細胞があげられる。マウス骨髓由来幹細胞 BMSC は、平成 12 年 2 月 22 日付で通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所（日本国茨城県つくば市東 1 丁目 1 番 3 号）に FERM BP-7043 として寄託されている。

2. 心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の培養

上記 1 の方法により単離した、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を培養するために用いる培地としては、通常公知（組織培養の技術基礎編 第三版、朝倉書店 1996）の組成の細胞培養用培地を用いることができるが、好ましくは牛等の血清を 5~20% 添加した、 α -MEM、DMEM あるいは IMDM 等の細胞培養用培地などが用いられる。培養条件は、細胞が培養可能であればいかなる条件でもよいが、培養温度は 33~37°C が好ましく、さらに 5~10% の二酸化炭素ガスで満たした孵卵器で培養することが好ましい。心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞は、通常の組織培養用のプラスチック製培養皿に接着して増殖することが好ましい。細胞が培養皿一面に増殖する頃、培地を除去して、トリプシン EDTA 溶液を加えることで細胞を浮遊させる。浮遊した細胞は、PBS あるいは該細胞培養用の培地で洗浄後、該細胞培養用の培地で 5 倍から 20 倍希釈して新しい培養皿に添加することで、さらに継代培養することができる。

3. 心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞からの心筋細胞の誘導

心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞より心筋細胞を誘導する方法としては、(1) DNA の脱メチル化剤処理による分化誘導、(2) 胎児の心臓発生領域で発現している因子または胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子による分化誘導、(3) 心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞または該骨髓細胞から分化した心筋細胞の培養上清による分化誘導などの方法を挙げることができる。これらの方法を单

独あるいは組み合わせることにより、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞から心筋細胞を誘導することができる。

DNA の脱メチル化剤としては、DNA に対して脱メチル化を引き起こす化合物であればいかなるものでもよい。DNA の脱メチル化剤としては、染色体 DNA 中の GpC 配列中のシトシン残基のメチル化を特異的に阻害する酵素であるデメチラーゼ、5-アザシチジン（以下 5-aza-C と略す）、DMSO (dimethyl sulfoxide) などがあげられる。デメチラーゼとしては、配列番号 1 記載のアミノ酸配列を有するデメチラーゼ[Nature, 397, 579–583 (1999)]などがあげられる。DNA の脱メチル化剤処理による分化誘導の具体例を以下に示す。

3mmol/l から 10mmol/l の間の濃度になるように 5-aza-C を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を含む培地中に添加し、24 時間上記培養条件下でインキュベーションする。培地を交換することで 5-aza-C を除去し、さらに 2 ~ 3 週間培養することで心筋細胞を取得することができる。形成される心筋細胞は培養 2 ~ 3 週間目では洞結節細胞を中心であるが、培養 4 週間目以降心室型心筋細胞を分化誘導することができる。

胎児の心臓発生領域で発現している因子または胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子としては、サイトカイン、ビタミン、接着分子、転写因子などをあげることができる。

サイトカインとしては、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に、心臓の発生段階で心筋細胞への分化を促進するものであればいかなるサイトカインでもよい。

具体的には、10~40ng/ml の血小板由来増殖因子（以下、PDGF と略記する。）、などをあげることができる。PDGF としては、配列番号 3 または 5 のアミノ酸配列で表されるものが好ましく用いられる。

また、心筋細胞への分化を抑制するサイトカインに対する阻害剤を用いることにより、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に、心臓の発生段階で心筋細胞への分化を促進することも可能である。

心筋細胞への分化を抑制するサイトカインとしては、線維芽細胞増殖因子-2（以下、FGF-2 と略記する。）、具体的には、配列番号 7 または 8 で表される FGF-2 などをあげることができる。

心筋細胞への分化を抑制するサイトカインに対する阻害剤としては、サイトカインの情報伝達を阻害する物質、例えばサイトカインを中和する抗体、低分子化合物などをあげることができる。

ビタミンとしては、レチノイン酸など心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に、心臓の発生段階で心筋細胞への分化を促進するものであればいかなるビタミンでもよい。具体的には、 $10^{-9}M$ のレチノイン酸などをあげることができる。

接着分子としては、フィブロネクチンなど心臓の発生段階で心臓発生領域で発現していればいかなる接着分子でもよい。具体的には、フィブロネクチンをコートした培養皿で該心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を培養することにより心筋細胞への分化を促進することができる。

転写因子としては、ホメオボックス型転写因子 Nkx2.5/Csx (配列番号 9 : アミノ酸配列、配列番号 10 : 塩基配列) 、 GATA ファミリーに属する Zinc finger 型転写因子 GATA4 (配列番号 11 : アミノ酸配列、配列番号 12 : 塩基配列) 、 myocyte enhancer factor-2(MEF-2) ファミリーに属する転写因子 MEF-2A (配列番号 13 : アミノ酸配列、配列番号 14 : 塩基配列) 、 MEF-2B (配列番号 15 : アミノ酸配列、配列番号 16 : 塩基配列) 、 MEF-2C (配列番号 17 : アミノ酸配列、配列番号 18 : 塩基配列) と MEF-2D (配列番号 19 : アミノ酸配列、配列番号 20 : 塩基配列) 、 basic helix loop helix 型転写因子に属する dHAND (配列番号 21 : アミノ酸配列、配列番号 22 : 塩基配列) と eHAND (配列番号 23 : アミノ酸配列、配列番号 24 : 塩基配列) 、 TEA-DNA 結合型転写因子 ファミリーに属する TEF-1 (配列番号 25 : アミノ酸配列、配列番号 26 : 塩基配列) 、 TEF-3 (配列番号 27 : アミノ酸配列、配列番号 28 : 塩基配列) と TEF-5 (配列番号 29 : アミノ酸配列、配列番号 30 : 塩基配列) などをあげることができる。

上述した転写因子は、該因子をコードする DNA を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞中に導入し、DNA を発現させることにより心筋細胞への分化を誘導させることができる。また、該因子を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞培養液中に添加することによっても、心筋細胞へ分化誘導させることができる。

自律拍動する心筋細胞の培養上清を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞培養液中に添加することで心筋細胞への分化を誘導させることができる。

また、以下に示す方法で得られる心筋細胞への分化を誘導する因子（以下、心筋分化誘導因子と称する）を用いても、心筋細胞への分化能を有する骨髓由来細胞を心筋細胞に分化誘導することができる。

4. 心筋分化誘導因子の取得

心筋分化誘導因子の取得方法としては、自律拍動する細胞の培養上清に各種プロテーゼ阻害剤を添加して、透析、塩析ならびにクロマトグラフィーなどを組み合わせることにより取得することができる。

さらにマイクロシーケンサーを用いて、上記の心筋分化誘導因子の部分アミノ酸配列を決定し、該アミノ酸配列に基づき設計したDNAプローブを用いて該自律拍動する細胞より作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、心筋分化誘導因子の遺伝子を取得することができる。

5. 心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を含む心臓再生治療薬または心臓疾患治療薬

本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞は、心臓再生または心臓疾患の治療薬として用いることができる。

心臓疾患としては、心筋梗塞、虚血性心疾患、うつ血性心不全、不整脈、肥大型心筋症、拡張型心筋症、心筋炎、弁膜症などをあげることができる。

心臓再生の治療薬としては、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を高純度で含み、心臓の障害部位ならびに大きさに応じて、該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を増殖させたもの、好ましくは、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞から、心筋内皮細胞(Endocardial endothelial cell)、クッショーン細胞(Cushion cell)、心室型心筋細胞、心房型心筋細胞、洞結節細胞等の心臓を形成する様々な細胞へ分化誘導できる細胞が用いられる。

該治療薬は、心筋梗塞の患者骨髓液中から上述した密度勾配遠心分離法、後述する心筋細胞への分化能を有する細胞を特異的に認識する抗体を用いたパニング法[J. Immunol., 141(8), 2797-2800 (1988)]あるいはFACS法[Int. Immunol., 10(3), 275-283 (1998)]、または心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に特異的な遺伝子のプロモーターを用いたレポーター系を構築する方法により該心筋細胞への分化能を有する骨髓

細胞の精製を行うことにより、製造することができる。

また該治療薬には、後述する心筋形成剤を用いて、該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を心筋細胞へ分化誘導させた細胞、高齢者の骨髓から取得した骨髓細胞より、後述する不死化方法を利用して細胞分裂能を賦活させた心筋細胞への分化能を有する細胞も含まれる。

上記方法で製造した治療薬は、上記心筋細胞への分化能を有する細胞を特異的に認識する抗体と FACS 法を組み合わせることで純度を検定することができる。

上記の治療薬を障害部位に輸送する方法としては、カテーテルを利用する方法等が用いられる。以下虚血性心疾患を例に具体的な方法を示す。虚血性心疾患で障害を受けた心筋細胞は、血管狭窄部位の下流に存在することから、上記の細胞を注入する前に、冠動脈造影法（図説病態内科講座 循環器—1、MEDICAL VIEW,1993）により血管の狭窄部位を同定しておく必要がある。器質的狭窄病変は狭窄病態に応じて求心性狭窄、偏心性狭窄、多発性壁不整に分類され、特に偏心性狭窄はタイプI およびタイプII の 2 つのタイプに細分類される。狭窄形態は狭心症の経過、予後に関連することが知られており、タイプ II の偏心性狭窄や多発性壁不整は不安定狭心症例に多く、心筋梗塞に移行する可能性が高い。血管が完全に狭窄している場合には、注入する細胞が障害部位に到達しない可能性があるので、事前に経皮的冠動脈形成術(PTCA)あるいは血栓溶解療法などにより狭窄部位を再開することが必要である。障害を受けた心筋細胞の部位に応じて、注入する細胞を心室型や心房型のように区別することができる。カテーテルの挿入法は右上腕動脈より挿入する Sones 法（図説病態内科講座 循環器—1、MEDICAL VIEW, 1993）あるいは大腿動脈より挿入する Jundkins 法（図説病態内科講座 循環器—1、MEDICAL VIEW,1993）を利用することができる。

6. 心筋形成剤

本発明の心筋形成剤は、染色体 DNA の脱メチル化剤、胎児の心臓発生領域で発現している因子、あるいは胎児の心臓発生段階で心筋細胞への分化に働く因子のいずれかの心筋分化誘導因子の少なくとも一種類を有効成分として含有し、骨髓由来の細胞を心筋細胞へ分化誘導させることができる。

心筋分化誘導因子としては、サイトカイン、ビタミン、接着分子、転写因子などを

あげることができる。

サイトカインとしては、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に、心臓発生段階で心筋細胞への分化を促進するものであればいかなるサイトカインでもよい。

具体的には、10~40ng/ml の PDGF などをあげることができる。PDGF としては、配列番号 3 または 5 のアミノ酸配列で表されるものが好ましく用いられる。

ビタミンとしては、レチノイン酸など心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に、心臓発生段階で心筋細胞への分化を促進するものであればいかなるビタミンでもよい。具体的には、 10^{-9} M のレチノイン酸などをあげることができる。

接着分子としては、フィブロネクチンなど心臓発生段階で心臓発生領域で発現していればいかなる接着分子でもよい。具体的には、フィブロネクチンをコートした培養皿で該心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を培養することにより心筋細胞への分化を促進することができる。

転写因子としては、ホメオボックス型転写因子 Nkx2.5/Csx (配列番号 9 : アミノ酸配列、配列番号 10 : 塩基配列) 、 GATA ファミリーに属する Zinc finger 型転写因子 GATA4 (配列番号 11 : アミノ酸配列、配列番号 12 : 塩基配列) 、 myocyte enhancer factor-2(MEF-2) ファミリーに属する転写因子 MEF-2A (配列番号 13 : アミノ酸配列、配列番号 14 : 塩基配列) 、 MEF-2B (配列番号 15 : アミノ酸配列、配列番号 16 : 塩基配列) 、 MEF-2C (配列番号 17 : アミノ酸配列、配列番号 18 : 塩基配列) と MEF-2D (配列番号 19 : アミノ酸配列、配列番号 20 : 塩基配列) 、 basic helix loop helix 型転写因子に属する dHAND (配列番号 21 : アミノ酸配列、配列番号 22 : 塩基配列) と eHAND (配列番号 23 : アミノ酸配列、配列番号 24 : 塩基配列) 、 TEA-DNA 結合型転写因子 ファミリーに属する TEF-1 (配列番号 25 : アミノ酸配列、配列番号 26 : 塩基配列) 、 TEF-3 (配列番号 27 : アミノ酸配列、配列番号 28 : 塩基配列) と TEF-5 (配列番号 29 : アミノ酸配列、配列番号 30 : 塩基配列) などをあげることができる。

該心筋形成剤には心筋分化誘導因子の遺伝子を主成分とするものと、心筋分化誘導因子の本体である蛋白質を含むものがある。

(1) 遺伝子を主成分とする心筋形成剤

以下に本発明の心筋形成剤が心筋分化誘導因子をコードする遺伝子を主成分とする

場合の調製法について述べる。

まず、心筋分化誘導因子の遺伝子 DNA 断片、あるいは全長 c DNA をウイルスベクタープラスミド内のプロモーターの下流に挿入することにより、組換えウイルスベクタープラスミドを造成する。

該組換えウイルスベクタープラスミドを、該ウイルスベクタープラスミドに適合したパッケージング細胞に導入する。

パッケージング細胞としては、ウイルスのパッケージングに必要なタンパク質をコードする遺伝子の少なくとも 1 つを欠損している組換えウイルスベクタープラスミドの該欠損する蛋白質を補給できる細胞であればいかなるものも用いることができる。例えばヒト腎臓由来の HEK293 細胞、マウス線維芽細胞 NIH3T3 などを用いることができる。

パッケージング細胞で補給する蛋白質としては、レトロウイルスベクターの場合はマウスレトロウイルス由来の gag、pol、env などの蛋白質、レンチウイルスベクターの場合は HIV ウィルス由来の gag、pol、env、vpr、vpu、vif、tat、rev、nef などの蛋白質、アデノウイルスベクターの場合はアデノウイルス由来の E1A、E1B などの蛋白質、アデノ隨伴ウイルスの場合は Rep(p5,p19,p40)、Vp(Cap)などの蛋白質を用いることができる。

ウイルスベクタープラスミドとしては上記パッケージング細胞において組換えウイルスが生産でき、心臓先天性遺伝子疾患の原因遺伝子に対する野生型の遺伝子を心筋細胞で転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

ウイルスベクタープラスミドとしては MFG [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 92, 6733–6737 (1995)]、pBabePuro [Nucleic Acids Research, 18, 3587–3596 (1990)]、LL-CG、CL-CG、CS-CG、CLG [Journal of Virology, 72, 8150–8157 (1998)]、pAdex1 [Nucleic Acids Res., 23, 3816–3821 (1995)] 等が用いられる。

プロモーターとしては、ヒト組織中で発現できるものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス（ヒト CMV）の IE(immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40 の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタクロチオネインプロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、SR α プロモーター

等をあげることができる。また、ヒト CMV の IE 遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。また、Nkx2.5/Csx 遺伝子のような心筋細胞特異的な遺伝子のプロモーターを用いることで、心筋細胞で特異的に目的の遺伝子を発現させることができる。

上記組換えウイルスベクタープラスミドを上記パッケージング細胞に導入することで組換えウイルスベクターを生産することができる。上記パッケージング細胞への上記ウイルスベクタープラスミドの導入法としては、例えば、リン酸カルシウム法[特開平 2-227075]、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)] 等をあげることができる。

上述した組換えウイルスベクターは、遺伝子治療剤に用いる基剤と共に調合して心筋形成剤を製造することができる[Nature Genet., 8, 42 (1994)]。遺伝子治療剤に用いる基剤としては、通常注射剤に用いる基剤であればいかなるものでも用いることができる。例えば、蒸留水、塩化ナトリウム又は塩化ナトリウムと無機塩との混合物等の塩溶液、マンニトール、ラクトース、デキストラン、グルコース等の溶液、グリシン、アルギニン等のアミノ酸溶液、有機酸溶液又は塩溶液とグルコース溶液との混合溶液等があげられる。また常法に従い、これらの基剤に浸透圧調整剤、pH 調整剤、ゴマ油、ダイズ油等の植物油又はレシチンもしくは非イオン界面活性剤等の界面活性剤等の助剤を用いて、溶液、懸濁液、分散液として注射剤を調製してもよい。これらの注射剤を、粉末化、凍結乾燥等の操作により用時溶解用製剤として調製することもできる。上記の心筋形成剤は、液体の場合はそのままで、固体の場合は治療の直前に必要により滅菌処理をした上記の基剤に溶解して遺伝子治療に使用することができる。本発明の心筋形成剤の投与方法は、患者の治療部位の心筋に吸収されるように、カテーテル等を用いて局所的に投与する方法等が用いられる。

上述した組換えウイルスベクターは試験管内で該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に感染させた後、上述した心筋形成剤として調製し、患者に投与することができる。または、組換えウイルスベクターを患者の患部に直接投与することもできる。

(2) 蛋白質を主成分とする心筋形成剤

以下に本発明の心筋形成剤が心筋分化誘導因子蛋白質を主成分とする場合の調製

法について述べる。

心筋分化誘導因子蛋白質の完全長 cDNA をもとに、必要に応じて、該蛋白質をコードする部分を含む適當な長さの DNA 断片を調製する。

該 DNA 断片、あるいは完全長 cDNA を発現ベクター内のプロモーターの下流に挿入することにより、該蛋白質の組換発現ベクターを造成する。

該組換発現ベクターを、該発現ベクターに適合した宿主細胞内に導入する。

宿主細胞としては、目的とする DNA を発現できるものは全て用いることができ、例えば、エシェリヒア(Escherichia)属、セラチア (Serratia) 属、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属、ブレビバクテリウム (Brevibacterium) 属、シュードモナス (Pseudomonas) 属、バチルス (Bacillus) 属、ミクロバクテリウム (Microbacterium) 属等に属する細菌、クルイベロミセス (Kluyveromyces) 属、サッカロマイセス (Saccharomyces) 属、シゾサッカロマイセス (Shizosaccharomyces) 属、トリコスporon (Trichosporon) 属、シワニオミセス (Schwanniomyces) 属等に属する酵母や動物細胞、昆虫細胞等を用いることができる。

発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能ないしは染色体中への組込みが可能で、心筋分化誘導因子の遺伝子 DNA を転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

細菌を宿主細胞として用いる場合は、心筋分化誘導因子の組換え発現ベクターは該細菌中で自立複製可能であると同時に、プロモーター、リボソーム結合配列、心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質をコードする DNA および転写終結配列より構成された組換え発現ベクターであることが好ましい。プロモーターを制御する遺伝子が含まれていてもよい。

発現ベクターとしては、例えば、pBTrp2、pBTac1、pBTac2（いずれもベーリンガーマンハイム社より市販）、pKK233-2（Amersham Pharmacia Biotech 社製）、pSE280（Invitrogen 社製）、pGEMEX-1（Promega 社製）、pQE-8（QIAGEN 社製）、pKYP10〔特開昭 58-110600〕、pKYP200〔Agricultural Biological Chemistry, 48, 669 (1984)〕、pLSA1〔Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)〕、pGEL1〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306 (1985)〕、pBluescript II SK(-)（Stratagene 社製）、pGEX（Amersham Pharmacia Biotech

社製)、pET-3 (Novagen 社製)、pTerm2(USP4686191、USP4939094、USP5160735)、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pEG400 [J. Bacteriol., 172, 2392 (1990)] 等を例示することができる。

発現ベクターとしては、リボソーム結合配列であるシャイン-ダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列と開始コドンとの間を適当な距離 (例えば 6 ~ 18 塩基) に調節したものを用いることが好ましい。

プロモーターとしては、宿主細胞中で発現できるものであればいかなるものでもよい。例えば、*trp* プロモーター (P_{trp})、*lac* プロモーター (P_{lac})、 P_L プロモーター、 P_R プロモーター、T7 プロモーター等の大腸菌やファージ等に由来するプロモーター、SPO1 プロモーター、SPO2 プロモーター、*penP* プロモーター等をあげることができる。また P_{trp} を 2 つ直列させたプロモーター ($P_{trp} \times 2$)、*tac* プロモーター、*letI* プロモーター [Gene, 44, 29 (1986)]、*lacT7* プロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。

本発明の心筋分化誘導因子の遺伝子 DNA の蛋白質をコードする部分の塩基配列を、宿主の発現に最適なコドンとなるように、塩基を置換することにより、目的とする蛋白質の生産率を向上させることができる。

本発明の心筋分化誘導因子の遺伝子 DNA の発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、好適には構造遺伝子直下に転写終結配列を配置することが望ましい。

宿主細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、コリネバクテリウム属、ブレビバクテリウム属、シュードモナス属、バチルス属、ミクロバクテリウム属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli HB101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli NY49、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniagenes、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC14067、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniphilum ATCC15354、Pseudomonas

sp. D-0110 等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へ DNA を導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)] 、プロトプラスト法 (特開昭 63-248394) 、または Gene, 17, 107 (1982) や Molecular & General Genetics, 168, 111 (1979) に記載の方法等をあげることができる。

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、YEpl3 (ATCC37115) 、 YEpl24 (ATCC37051) 、 YCp50 (ATCC37419) 、 pHS19、 pHS15 等を例示することができる。

プロモーターとしては、酵母中で発現できるものであればいかなるものでもよく、例えば、PHO5 プロモーター、PGK プロモーター、GAP プロモーター、ADH プロモーター、gal 1 プロモーター、gal 10 プロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、MF α 1 プロモーター、CUP 1 プロモーター等をあげることができる。

宿主細胞としては、サッカロミセス・セレビシエ (Saccharomyces cerevisiae) 、シゾサッカロミセス・ポンベ (Schizosaccharomyces pombe) 、クリュイベロミセス・ラクチス (Kluyveromyces lactis) 、トリコスporon・プルランス (Trichosporon pullulans) 、シュワニオミセス・アルビウス (Schwanniomyces alluvius) 等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、酵母に DNA を導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Methods in Enzymol., 194, 182 (1990)] 、スフェロプラスト法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)] 、酢酸リチウム法 [J. Bacteriol., 153, 163 (1983)、 Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)] 等をあげることができる。

動物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pcDNA1(Invitrogen 社製)、pcDM8 (Invitrogen 社製) 、 pAGE107 [特開平 3-22979 ; Cytotechnology, 3, 133 (1990)] 、 pAS3-3 (特開平 2-227075) 、 pCDM8 [Nature, 329, 840 (1987)] 、 pcDNA1/Amp (Invitrogen 社製) 、 pREP4 (Invitrogen 社製) 、 pAGE103 [J. Biochem., 101, 1307 (1987)] 、 pAGE210 等を例示することができる。

プロモーターとしては、動物細胞中で発現できるものであればいずれも用いること

ができ、例えば、サイトメガロウイルス（ヒト CMV）の IE(immediate early)遺伝子のプロモーター、SV40 の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、SR α プロモーター等をあげることができる。また、ヒト CMV の IE 遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞、サルの細胞である COS 細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞である CHO 細胞、HBT5637 [特開昭 63-299] 等をあげることができる。

組換えベクターの導入法としては、動物細胞に DNA を導入できるいかなる方法も用いることができ、例えば、エレクトロポーレーション法 [Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法（特開平 2-227075）、リポフェクション法

[Proc.Natl.Acad.Sci., USA, 84, 7413 (1987)、Virology, 52, 456 (1973)] 等を用いることができる。形質転換体の取得および培養は、特開平 2-227075 号公報あるいは特開平 2-257891 号公報に記載されている方法に準じて行なうことができる。

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばバキュロウイルス・エクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリ・マニュアル[Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W.H. Freeman and Company, New York (1992)]、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー サップルメント 1-38(1987-1997)、Bio/Technology, 6, 47 (1988) 等に記載された方法によって、蛋白質を発現することができる。

即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、蛋白質を発現させることができる。

該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII (ともに Invitrogen 社製) 等をあげることができる。

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラファ・カリフォルニカ・ヌクレア・ポリヘドロシス・ウイルス(Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperda の卵巣細胞である Sf9、Sf21 [Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W.H.Freeman and Company, New York, (1992)]、Trichoplusia ni の卵巣細胞である High 5 (Invitrogen 社製) 等を用いることができる。

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法 [特開平 2-227075]、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)] 等をあげることができる。

遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング 第 2 版 [Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)] に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合蛋白質発現等を行うことができる。

酵母、動物細胞または昆虫細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が付加された蛋白質を得ることができる。

心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質をコードする DNA を組み込んだ組換え体 DNA を保有する形質転換体を培地に培養し、培養物中に心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質を生成蓄積させ、該培養物より該蛋白質を採取することにより、心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質を製造することができる。

心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質製造用の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

大腸菌等の原核生物あるいは酵母等の真核生物を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、該宿主が資化し得る炭素源、窒素源、無機物等を含有し、形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれでもよい。

炭素源としては、それぞれの宿主が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含有する糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノールなどのアルコール類を用いることができる。

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモ

ニウム、リン酸アンモニウム等の各種無機酸若しくは有機酸のアンモニウム塩、その他含窒素化合物、並びに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンスチーピリカ、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等が用いられる。

無機物としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。

培養は、振盪培養または深部通気攪拌培養などの好気的条件下で行う。培養温度は15～40°Cがよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中pHは、3.0～9.0に保持する。pHの調整は、無機あるいは有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニアなどを用いて行う。

また培養中必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、lacプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド(IPTG)等を、trpプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸(IAA)等を培地に添加してもよい。

動物細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI1640培地[The Journal of the American Medical Association, 199, 519(1967)]、EagleのMEM培地[Science, 122, 501(1952)]、ダルベッコ改変MEM培地[Virology, 8, 396(1959)]、199培地[Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1(1950)]またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。

培養は、通常pH6～8、30～40°C、5%CO₂存在下等の条件下で1～7日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

昆虫細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されている TNM-FH 培地 (Pharmingen 社製)、Sf-900 II SFM 培地 (Life Technologies 社製)、ExCell400、ExCell405 (いずれも JRH Biosciences 社製)、Grace's Insect Medium [Grace, T.C.C., Nature, 195, 788 (1962)] 等を用いることができる。

培養は、通常 pH6~7、25~30°C 等の条件下で、1~5 日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

上述の形質転換体の培養物から、心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質を単離精製するには、通常の蛋白質の単離、精製法を用いればよい。

例えば、心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質が、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し水系緩衝液にけん濁後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモグナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られた上清から、通常の蛋白質の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫安等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル(DEAE)-セファロース、DIAION HPA-75 (三菱化学社製) 等レジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF(Amersham Pharmacia Biotech 社製)等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティーコロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

また、該蛋白質が細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、細胞を回収後破碎し、遠心分離することにより、沈殿画分として蛋白質の不溶体を回収する。

回収した該蛋白質の不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。

該可溶化液を、希釈あるいは透析により、該可溶化液中の蛋白質変性剤の濃度を下げることにより、該蛋白質の構造を正常な立体構造に戻した後、上記と同様の単離精製法により該蛋白質の精製標品を得る。

心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質あるいはその糖修飾体等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清から、該蛋白質あるいはその糖鎖付加体等の誘導体

を回収することができる。即ち、培養物から遠心分離等の手法により培養上清を回収し、該培養上清から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

このようにして取得される蛋白質として、例えば、配列番号 5、6、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28 および 30 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質等をあげることができる。

また、上記方法により発現させた蛋白質を、Fmoc 法(フルオレニルメチルオキシカルボニル法)、tBoc 法(t-ブチルオキシカルボニル法)等の化学合成法によっても製造することができる。また、米国 Advanced ChemTech 社製、Perkin-Elmer 社製、Amersham Pharmacia Biotech 社製、米国 Protein Technology Instrument 社製、米国 Synthecell-Vega 社製、米国 PerSeptive 社製、島津製作所社製等のペプチド合成機を利用して合成することもできる。

心筋細胞への分化を誘導できる蛋白質は、上記（1）と同様にして心筋形成剤を形成し使用することができる。

7. 先天性遺伝子疾患の治療への利用

心不全を来す疾患の中には、一部であるが单一遺伝子の変異により、本来必要な蛋白質が全て欠損するために心不全を来す一群がある。このような疾患としては、家族性肥大型心筋症、Fabri 病、QT 延長症候群、マルファン症候群、大動脈弁狭窄症、ミトコンドリア心筋症、Duchenne 型筋ジストロフィー症等があげられる。これらの疾患は、ミオシン、トロポニン、トロポミオシン、電位依存性 Na チャンネル、K チャンネル、フィブリン、エラスチン、ミトコンドリア、ジストロフィンなどの遺伝子異常が原因であることが知られている [治療学, 30,1302-1306(1996)]。すなわち、これら患者より本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を取得し、正常な遺伝子を導入して心臓に移植することで上記疾患を治療することができる。正常な遺伝子は、上記 6（1）で記載した遺伝子治療用のベクターを用いることで本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に導入することができる。

8. 心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞特異的な表面抗原を特異的に認識する抗体の取得

以下に、本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞で発現している表面抗原を特異的に認識する抗体の調製法について述べる。

本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞で特異的に発現している表面抗原を認識する抗体は、心筋梗塞などの心臓病の細胞治療を実施する上で必要な心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞の純度検定や精製に用いることができる。

該抗体を取得する方法として、本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞 $3 \sim 5 \times 10^6$ cells/匹、あるいは該細胞から調製した細胞膜画分 $1 \sim 10\text{mg}/\text{匹}$ 程を抗原として、ウサギ、ヤギまたは $3 \sim 20$ 週令のラット、マウスもしくはハムスター等の非ヒトほ乳動物の皮下、静脈内または腹腔内に、適当なアジュバント[例えば、フロインドの完全アジュバント(Complete Freund's Adjuvant)または、水酸化アルミニウムゲル、百日咳菌ワクチンなど]とともに投与する。

該抗原の投与は、1回目の投与の後 $1 \sim 2$ 週間おきに $3 \sim 10$ 回行う。各投与後、 $3 \sim 7$ 日目に眼底静脈叢より採血し、該血清が免疫に用いた抗原と反応するか否かを酵素免疫測定法〔酵素免疫測定法(ELISA法)：医学書院刊 1976年、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988〕などで調べる。

免疫に用いた抗原に対し、その血清が充分な抗体価を示した非ヒトほ乳動物を、血清または抗体産生細胞の供給源とする。

ポリクローナル抗体は、該血清を分離、精製することにより調製することができる。

モノクローナル抗体は、該抗体産生細胞と非ヒトほ乳動物由来の骨髓腫細胞とを融合させてハイブリドーマを作製し、該ハイブリドーマを培養するか、動物に投与して該動物を腹水癌化させ、該培養液または腹水を分離、精製することにより調製することができる。

抗体産生細胞としては、脾細胞、リンパ節、末梢血中の抗体産生細胞、特に脾細胞が好適に用いられる。

骨髓腫細胞としては、8-アザグアニン耐性マウス(BALB/c由来)骨髓腫細胞株である P3-X63Ag8-U1(P3-U1)株 [Current Topics in Microbiology and Immunology, 18, 1 (1978)]、P3-NS1/1-Ag41(NS-1)株 [European J. Immunology, 6, 511 (1976)]、SP2/O-Ag14(SP-2)株 [Nature, 276, 269 (1978)]、P3-X63-Ag8653(653)株 [J. Immunology, 123,

1548 (1979)]、P3-X63-Ag8(X63)株 [Nature, 256, 495 (1975)] 等、マウス由来の株化細胞が好適に用いられる。

ハイブリドーマ細胞は、以下の方法により作製できる。

抗体産生細胞と骨髄腫細胞を混合し、H A T 培地（正常培地にヒポキサンチン、チミジンおよびアミノプテリンを加えた培地）に懸濁したのち、7～14日間培養する。培養後、培養上清の一部をとり酵素免疫測定法などにより、抗原に反応し、抗原を含まない蛋白質には反応しないものを選択する。ついで、限界希釈法によりクローニングを行い、酵素免疫測定法により安定して高い抗体価の認められたものをモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ細胞として選択する。

ポリクローナル抗体またはモノクローナル抗体を分離、精製する方法としては、遠心分離、硫安沈殿、カプリル酸沈殿、または DEAE-セファロースカラム、陰イオン交換カラム、プロテイン A または G-カラムあるいはゲルfiltrationカラム等を用いるクロマトグラフィー等を、単独または組み合わせて処理する方法があげられる。

上記方法で取得した、該心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞で発現している表面抗原を特異的に認識する抗体を用いて、検体細胞に対する反応性と造血系幹細胞、神経系幹細胞などの対照となる細胞に対する反応性とを比較することで、検体細胞が上記特異的表面抗原を発現しているかどうかを容易に検定することができる。

9. 心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞で発現している表面抗原および該表面抗原をコードする遺伝子の取得

該心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞で特異的に発現している表面抗原遺伝子の取得方法としては、二つの異なる由来のサンプル間で異なる発現形態を取る遺伝子を取得する方法であるサブトラクション法[Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85, 5738-5742 (1988)]や Representational difference analysis[Nucleic Acids Research, 22, 5640-5648 (1994)]による方法をあげることができる。

まず、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞より作製した cDNA ライブラリーを、造血系幹細胞や神経系幹細胞などの骨髄細胞以外の対照細胞より取得した mRNA を用いてサブトラクションを行う。心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞特異的な遺伝子を濃縮した差分化 cDNA ライブラリーを調製した後、該差分化 cDNA ライブラリー

の挿入 cDNA 配列を 5' 側よりランダムに塩基配列解析を行い、分泌シグナル配列を持つものだけを選択する。このようにして得られた cDNA の全長塩基配列を決定することにより、該 cDNA がコードする蛋白質が分泌蛋白質か膜蛋白質かを区別することができる。

上記の方法において、ランダム配列解析の代わりに、シグナルシーケンストラップ法も用いることもできる [Science, 261, 600–603 (1993); Nature Biotechnology, 17, 487–490 (1999)]。シグナルシーケンストラップ法とは、分泌シグナル配列をもつ遺伝子を選択的にスクリーニングする方法である。

効率よく特異的な表面抗原を取得するためには、シグナルシーケンストラップライブラーーをサブトラクションが行えるベクターを用いて作製し、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞から作製したシグナルシーケンストラップライブラーーを造血系幹細胞や神経系幹細胞などの対照となる細胞より取得した mRNA を用いてサブトラクションを行う方法が望ましい。このようにして取得された分泌シグナル配列を含む DNA 断片は全長 cDNA をクローニングするためのプローブとして用いることができる。

全長 cDNA はその全長塩基配列を解析することで、該 cDNA がコードする蛋白質が分泌蛋白質か膜蛋白質かを区別することができる。

ランダム配列解析あるいはシグナルシーケンストラップ法を用いた場合でも、得られたクローンが膜蛋白質をコードする場合は、塩基配列から類推されるアミノ酸配列に基づき合成ペプチドを作製し、該合成ペプチドを抗原として上記方法により特異的な抗体を取得することができる。

また、膜蛋白質の場合は、受容体をコードしているものがあり、このような受容体は該心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の特異的な増殖または心筋細胞への分化の調節に働いている可能性があり、当該受容体のリガンドの探索に用いることができる。分泌蛋白質の場合は、直接心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を増殖あるいは分化させるために用いることができる。

10. 心筋細胞への分化能のある骨髄細胞の増殖因子および心筋細胞への分化誘導因子のスクリーニング

心筋細胞への分化能のある骨髄細胞の増殖因子および心筋細胞への分化誘導因子

のスクリーニング方法としては、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞を無血清培地中で培養させる際に、検体である種々の物質を添加させ、該細胞が増殖するか、または心筋細胞へ分化誘導されるかで調べることにより行うことができる。

検体となる物質としては、各種サイトカインや増殖因子などの分泌蛋白質、細胞接着分子などの膜結合蛋白質、組織抽出液、合成ペプチド、合成化合物、微生物培養液等などいかなるものでもよい。

増殖能力はコロニー形成能や BrdU の取り込みなどで調べることができる。

コロニー形成能は、本発明の骨髓細胞を低密度で播種することにより調べることができる。

BrdU の取り込みは、BrdU を特異的に認識する抗体を用いた免疫染色により調べることができる。

心筋細胞への分化を評価する方法としては、自律拍動を指標にするかまたは筋細胞で特異的に発現する遺伝子のプロモーターと GFP(Green fluorescent protein)、ルシフェラーゼ、ベーターガラクトシダーゼなどのレポーター遺伝子とを組み合わせたベクターDNA を該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に導入したレポーター細胞を用いてレポーター遺伝子の発現を指標にする方法があげられる。

レポーター系の構築には cardiac troponin I(cTNI)のプロモーターを用いる方法があげられる[J. Biological Chemistry, 273, 25371-25380 (1998)]。

11. 心筋細胞への分化能のある骨髓細胞の不死化

心臓疾患の患者、特に高齢者に本発明の治療薬を投与する場合、本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞をガン化させずに細胞分裂の回数を増やすことが望ましい。

骨髓細胞をガン化させずに細胞分裂の回数を増やす方法としては、テロメラーゼを本発明の心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に発現させる方法をあげることができる。

例えば、テロメラーゼの触媒サブユニットである TERT 遺伝子、具体的には配列番号 32 で表される DNA を、レトロウイルスベクターに導入した後に心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に導入する方法、または心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞に

内在する TERT 遺伝子を誘導発現させる因子を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に投与する方法、あるいは TERT 遺伝子を誘導発現させる因子をコードする DNA を含むベクターを心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に導入する方法などをあげることができる。

このような TERT 遺伝子を誘導発現させる因子は、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に TERT 遺伝子プロモーターと GFP(Green Fluorescent protein)、ルシフェラーゼ、あるいはベーターガラクトシダーゼを組み合わせたレポーター系を心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に導入することで選別することができる。

以下に実施例をあげて、本発明を具体的に示す。

発明を実施するための最良の形態

実施例 1．マウス骨髄からの心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の取得と培養

5 週齢の C3H/He マウス 10 匹をエーテルを用いて麻酔し、そのうえで頸椎脱臼により致死させた。マウスを半側臥位にして、70% エタノールを充分かけ消毒した。

次に大腿骨周辺の皮膚を広い範囲にわたり切開し、大腿骨全面の大軽四頭筋をはさみで切除した。膝関節の部分に軽くはさみを入れ、関節を外し、さらに大腿骨背面の筋肉を切除した。股関節の部分にはさみを入れ関節を外し、大腿骨を取り出した。大腿骨に付着している筋肉をはさみで切除し、大腿骨全体を露出させた。大腿骨の両端をはさみで切断後、テルモ製 23G の針を装着した 2.5ml 注射器に 20%FCS を含有する IMDM 培地を約 1.5ml 入れ、注射針の先端を大腿骨の膝関節側の断端に差し込み、試験管の中に培養液を吹き出すことで、骨髄細胞を押し出した。取得した細胞は、20%FCS、100mg/ml penicillin、250ng/ml streptomycin、85mg/ml amphotericin を含有する IMDM 培地中で 33°C で、5% CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。継代を続けることで、細胞は間葉系の細胞へと均一化し、造血系の細胞は消失した。

約 4 ヶ月上記条件で培養を行い、不死化した細胞を選択した後、希釈により 192 種類の独立した単一細胞(single cell)由来の細胞株を樹立した（以下、骨髄由来初代不死化細胞株と称する）。これら独立のクローン由来の細胞にそれぞれに 3mM の終濃度になるように 5-aza-C を添加し 24 時間培養した後、培地を IMDM 培地に代えてさらに 2 週間培養することで拍動する細胞を產生するクローンを選択した。骨髄由来初代

不死化細胞 192 個のうち、心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞は 3 個であった。該心筋細胞への分化能を有する骨髓細胞は、心筋細胞以外に脂肪細胞を分化誘導したことからいざれも多分化能幹細胞であることが示された。多分化能幹細胞から、非特異的に分化誘導してくる自己拍動細胞の割合は非常に少ない。

しかし、この自己拍動する細胞周辺をクローニングシリジで採取し、培養した細胞（以下、単に心筋前駆細胞と称する）に、再び 5-aza-C を添加し 24 時間培養した後、培地を IMDM 培地に代えてさらに 2~3 週間培養することでより多くの自律拍動する細胞を取得した。該心筋細胞への分化能を有する骨髓幹細胞は、増殖条件下では、单核の線維芽細胞様の形態を呈し、心筋収縮蛋白質はほとんど発現していない。しかし 5-aza-C により最終分化を誘導すると形態は著しく変化した。

分化誘導 1 週間目頃より、一部の細胞は細胞質が大きくなり円形あるいは棒状を呈し、後に自律拍動を開始する細胞となるが、この時点では自律拍動を行うことは少なかった。分化誘導後 2 週間になると、自己拍動を開始した。この自己拍動した細胞は互いに連結しあい、縦に連結して筋管細胞様となった。3 週間以後には多くの細胞が縦に 1 列にならび、同期して収縮した。分化後 4 週間以後には培養皿の上の直接連結される細胞は、すべて同期して収縮し心筋組織様になった。マウスの心臓は、毎分 300 ~400 回程度の心拍数で収縮するが、これに対してマウス成体骨髓由来の細胞より分化した心筋細胞は、培養条件下において毎分 120~250 回の速さで規則的に収縮した。

実施例 2. マウス骨髓細胞から誘導される心筋細胞の特性

骨髓由来細胞から形成される自律拍動する心筋様細胞が、実際に心筋細胞の性質を保有しているかどうかの解析を行った。

実施例 1 で取得した、骨髓由来初代不死化細胞株、多分化能幹細胞および心筋前駆細胞から分化誘導した心筋細胞から、それぞれ Trizol Reagents(GIBCO BRL 社製)を用いて全 RNA を取得した。次に、該全 RNA を基質として SuperscriptII reverse transcriptase(GIBCO BRL 社製)を用いて First strand cDNA を合成した。

次に、心筋細胞特異的な遺伝子の発現を検討するために、該 First strand cDNA を基質として、配列番号 33~58 に示した塩基配列を有する合成 DNA を用いて定量的 PCR を行った。心筋細胞特異的な遺伝子としては、ナトリウム利尿ペプチドである ANP

およびBNP、ミオシン重鎖である α -MHC および β -MHC、アクチンである α -skeletal actin および β -skeletal actin、ミオシン軽鎖であるMLC-2a、MLC-2v、心筋細胞特異的転写因子であるNkx2.5/Csx、GATA4、TEF-1、MEF-2C、MEF-2D、MEF-2Aを用いた。

ANPの増幅には配列番号33、34の塩基配列を有する合成DNAを、BNPの増幅には配列番号35、36の塩基配列を有する合成DNAを、 α -MHCの増幅には配列番号37、38の塩基配列を有する合成DNAを、 β -MHCの増幅には配列番号39、40の塩基配列を有する合成DNAを、 α -skeletal actinの増幅には配列番号41、42の塩基配列を有する合成DNAを、 β -skeletal actinの増幅には配列番号43、44の塩基配列を有する合成DNAを、MLC-2aの増幅には配列番号45、46の塩基配列を有する合成DNAを、MLC-2vの増幅には配列番号47、48の塩基配列を有する合成DNAを、Nkx2.5/Csxの増幅には配列番号49、50の塩基配列を有する合成DNAを、GATA4の増幅には配列番号51、52の塩基配列を有する合成DNAを、TEF-1の増幅には配列番号53、54の塩基配列を有する合成DNAを、MEF-2Cの増幅には配列番号55、56の塩基配列を有する合成DNAを、MEF-2Dの増幅には配列番号57、58の塩基配列を有する合成DNAを、MEF-2Aの増幅には配列番号59、60の塩基配列を有する合成DNAを用いた。

生体内で分化誘導する心筋細胞は、心筋収縮の心拍数またはエネルギー効率に違いを持たせるために、胎児期、新生児期あるいは成熟期によって、または心房筋あるいは心室筋の相違によって、心筋収縮蛋白質のアイソフォームに違いがある。

培養系で心筋細胞に分化した骨髄細胞の場合、アイソフォームの発現様式は α -アクチンの場合は骨格筋型のほうが心筋型より多く発現し、ミオシン重鎖の場合は β 型のほうが α 型よりも多く発現していた。ミオシン軽鎖では2v型が発現しているのに対し、2a型の発現は観察されなかった。

また、培養系で心筋細胞に分化した骨髄細胞の分化誘導後には、ナトリウム利尿ペプチドであるANPおよびBNPの発現が見られた。以上の心筋収縮蛋白質の発現様式より判断すると、培養系で心筋細胞に分化した骨髄細胞の表現型は胎児型心室筋細胞の形質を有すると考えられる。

培養系で心筋細胞に分化した骨髄細胞では、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2C、

MEF-2D、TEF-1 遺伝子の発現が観察された。増殖中の骨髓由来初代不死化細胞株ではこれらの転写因子の発現は認められなかったが、増殖中の骨髓由来心筋前駆細胞では Nkx2.5/Csx、GATA4 および MEF-2C の発現が観察され、心筋細胞への分化誘導に伴い、遅れて MEF-2A および MEF-2D の発現誘導が観察された。

次に、ガラス微少電極により、培養系で心筋細胞に分化した骨髓細胞の活動電位を記録した。活動電位は、細胞を 1.49mM CaCl₂、4.23mM KCl、25mM HEPES(pH7.4)を添加した IMDM 培地中で培養し、Diaphoto-300 実体顕微鏡(ニコン社製)下、温度 25°C で測定した。ガラス電極は電極抵抗を 15~30 Ωに設定して 3M KCl を充填した。膜電位の測定は MEZ-8300 (日本光電社製) を用いて電流クランプモードで行った。測定結果は RTA-1100M (日本光電社製) を用いて熱感紙に記録した。その結果、培養系で心筋細胞に分化した骨髓細胞は、洞結節細胞型と心室筋細胞型の 2 種類が観察された。両者に共通する活動電位の特徴は、①活動電位持続時間が長いこと、②比較的浅い静止期電位を持つこと、③ペースメーカー細胞にみられる静止期電位の緩やかな脱分極が認められることであった。また、心室筋細胞型では活動電位は Peak&Dome 型 (活動電位第 1 相を持つ) を呈した。洞結節細胞型の活動電位持続時間、拡張期膜電位、活動電位振幅は従来ウサギやラットで報告されている洞結節の活動電位と近似していた。心室筋細胞型ではこれに比べて、静止期膜電位は深く、活動電位振幅は大きい傾向を示した。分化誘導後、2~3 週間の細胞はすべて洞結節細胞型が記録されたが、分化誘導後 4 週間頃より心室筋細胞型が観察され時間経過とともに次第に増加した。

実施例 3. サイトカインを用いた心筋細胞への分化の促進

心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞の心筋分化誘導率を増加させるため、5-aza-C で分化誘導をおこなう際に、各種サイトカインを添加して誘導率が増加するかどうか解析をおこなった。

心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞を 2×10^4 細胞/ml となるように 60mm 培養ディッシュあるいは 60mm フィブロネクチン付着ディッシュ(fibronectin-coated dish:Becton Dickinson 社製) に蒔き、33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。

翌日、該培養液に 5-aza-C を終濃度 3 μM となるよう添加した上で、更に、PDGF

のみ、PDGF とレチノイン酸の両方、添加なし、の 3 種類の群で培地中に添加した（終濃度は PDGF は 10ng/ml、レチノイン酸は 10^{-9} M）。

それから更に 2 日後、4 日後にも培地交換した後、PDGF のみ、PDGF とレチノイン酸の両方、添加なしの 3 群にそれぞれ最初と同量を添加した。

薬剤を加えてから 4 週間後、細胞の形態を位相差顕微鏡下で観察した。その結果、5-aza-C のみを添加した培養ディッシュでは約 3 割の細胞が筋管様細胞となるのに対し、PDGF を添加すると約 4 割、PDGF とレチノイン酸を同時に添加すると約 5 割の細胞が筋管様細胞となった。また、フィブロネクチン付着ディッシュの 3 群では、培養ディッシュの 3 群に比べて、筋管様細胞になる細胞数が約 1 割程度ずつ増加した。

実施例 4. DMSO を用いた骨髓由来幹細胞からの心筋細胞への分化誘導

実施例 1 に示した方法により、取得した心筋細胞への分化能のある骨髓幹細胞に $3 \mu M$ の 5-aza-C の代わりに $10 \mu M$ の DMSO を添加し 24 時間培養した後、培地を IMDM 培地に代えて、さらに 6 週間培養を続けた。

その結果、拍動する心筋細胞が分化誘導されることを見出し、これらの細胞には Nkx2.5/Csx および GATA4 遺伝子が発現しており、5-aza-C を添加したときと同様の性質を有した心筋細胞であることが示された。この解析結果は、5-aza-C と DMSO の共通の機能である染色体 DNA の脱メチル化が心筋細胞の分化に必要であることを示している。

実施例 5. 心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞が多分化能を有する幹細胞および心筋前駆細胞であることの証明

マウス骨髓細胞から分化誘導する拍動細胞が心筋細胞の性質を保有していることは示されたが、心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞に、心筋前駆細胞が存在しているのか、もっと未分化で心筋細胞以外の、例えば脂肪細胞などに分化可能な幹細胞が存在するかを調べるため、シングルセル・マーキング (Single cell marking) の実験を行った。

具体的には、分化誘導を行う前に、ある 1 つの細胞に GFP 遺伝子をウィルスベクターを導入して標識し、その後分化誘導させて標識した細胞がどのような細胞に分化したかで判断した。

まず、GFP 遺伝子を発現させるレトロウイルスベクタープラスミド GAR3-GFP および、Ecotropic 遺伝子を発現させる pCMV-Eco プラスミドベクターを、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989) 等に記載のアルカリ中和法およびPEG 沈殿法を用いて、純度の高い DNA を取得した。

この DNA をトランスフェクションさせる前日に、コンフルエントになった、gag および pol 遺伝子を保有する 293 細胞を 1/5 希釈で 10cm ディッシュに継代し、一晩 37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養をおこなった。

トランスフェクションは以下の通りに行つた。

GAR3-GFP レトロウイルスベクタープラスミド DNA 1.5 μg と pCMV-Eco プラスミドベクターDNA 5 μg を 250mM CaCl₂ (pH6.95) 0.5ml に加えて溶解させ、その溶液を 15ml のチューブに入れた 2×BBS [50mM BES(N,N-bis(2-hydroxyethyl)-2-aminoethanesulfonic acid)、280mM NaCl、1.5mM Na₂HPO₄ (pH6.95)] 0.5ml に滴下して 10 分間室温で静置させた。その後、この DNA 溶液を、前日に用意した 293 細胞培地中に滴下させ、37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行つた。翌日、培地を交換し、更に 37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行つた。

培地を交換して 2 日後に、培養上清を 0.45 μm のフィルター (Millipore 社製) でろ過し、ウィルスベクターを含む溶液を回収した。この溶液を IMDM 培地で 10⁻¹、10⁻²、10⁻³、10⁻⁴、10⁻⁵ に希釈した。

ウィルスベクターを導入される側の心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞は、ウィルスをインフェクションさせる前日に 2×10⁴ 細胞／ウェルとなるように 6 ウエル・ディッシュに蒔いた。

希釈した、ウィルスベクターを含む溶液には、終濃度 8 μg/ml となるように、Hexadimethrine bromide(polybrene) (Sigma 社製) を添加し、心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞の培養上清 2 ml をウイルス液 2ml と置換し、33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養をおこなつた。5 時間後、培養上清を新しい IMDM 培地に交換し、更に 33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行つた。

2 日間培養を行つた後、蛍光顕微鏡下で GFP を発現している細胞を観察し、細胞 1000 個あたり 1 つの GFP 陽性細胞があるような細胞群を得た。

該細胞を 8×10^3 細胞／ディッシュとなるよう、35mm ガラスベースディッシュ（旭テクノグラス社製）に蒔き、33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。

翌日、5-aza-C（Sigma 社製）、PDGF-BB（Peprotech 社製）、all trans レチノイン酸（Sigma 社製）をそれぞれ終濃度 3 μM、10ng/ml、10⁻⁹M となるよう添加し、添加して 2 日後および 4 日後には、培地交換を行うとともに、再度 PDGF-BB（以降 PDGF と略す）、all trans レチノイン酸を上述と同じ濃度で添加した。

4 週間後、蛍光顕微鏡で GFP 陽性細胞がどのように分化したかを観察すると、心筋細胞のみが GFP 陽性になっている細胞集団、心筋細胞と未分化幹細胞が GFP 陽性になっている細胞集団、ならびに心筋細胞、脂肪細胞および未分化幹細胞の 3 者が GFP 陽性になっている細胞集団の 3 種類の細胞集団が見られた。すなわち、多分化能幹細胞から心筋幹細胞さらに心筋前駆細胞へと確率的（stochastic）に誘導していくことが明らかとなった。またこの結果は、心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞には多分化能をもつ幹細胞が存在することを示している。

実施例 6. 転写因子の強制発現による心筋細胞分化の促進

マウス心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に心筋細胞分化に関する転写因子を強制的に発現させることによる心筋細胞への分化に与える影響を解析した。

具体的には、分化誘導を行う前に、Nkx2.5/Csx または GATA4 遺伝子をウィルスベクターを用いて導入して、その後分化誘導させて心筋細胞への分化の効率を検討した。

まず、Nkx2.5/Csx と GATA4 の遺伝子を発現させる目的で、レトロウィルスベクタープラスミド pCLNCX（Imgenex 社）に Nkx2.5/Csx と GATA4 をそれぞれ組み込み、pCLNC-Nkx2.5/Csx と pCLNC-GATA4 を調製した。レトロウィルスベクタープラスミド pCLNC-Nkx2.5/Csx と pCLNC-GATA4 および、Ecotropic 遺伝子を発現させる pCMV-Eco プラスミドベクター（Imgenex 社）を、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989) 等に記載のアルカリ中和法および PEG 沈殿法を用いて、純度の高い DNA を取得した。

これらの DNA をトランسفエクションさせる前日に、コンフルエントになった、gag および pol 遺伝子を保有する 293 細胞を 1/5 希釈で 10cm ディッシュに継代し、一晩 37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。

トランスフェクションは以下の通りにおこなった。

pCLNC-Nkx2.5/Csx あるいは pCLNC-GATA4 レトロウイルスベクタープラスミド DNA 15 μ g と pCMV-Eco プラスミドベクターDNA 5 μ g を 250mM CaCl₂ (pH 6.95) 0.5ml に加えて溶解させ、その溶液を 15ml のチューブに入れた 2×BBS [50mM BES(N,N-bis(2-hydroxyethyl)-2-aminoethanesulfonic acid), 280mM NaCl, 1.5mM Na₂HPO₄ (pH 6.95)] 0.5ml に滴下して 10 分間室温で静置させた。その後、この DNA 溶液を、前日に用意した 293 細胞培地中に滴下させ、37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。翌日、培地を交換し、更に 37°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。

培地を交換して 2 日後に、培養上清を 0.45 μ m のフィルター (Millipore 社製) でろ過し、ウィルスベクターを含む溶液を回収した。

ウィルスベクターを導入される側の心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞は、ウィルスをインフェクションさせる前日に 2×10^4 細胞／ウェルとなるように 6 ウエル・ディッシュに蒔いておいた。

上記で取得したウィルスベクターを含む溶液に、終濃度 8 μ g/ml となるように、Hexadimethrine bromide(polybrene)(Sigma 社製) を添加し、心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞の培地と置換し、33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。5 時間後、新しい IMDM 培地に交換し、更に 33°C、5%CO₂ 濃度の孵卵機を用いて培養を行った。

2 日間培養を行った後、G418 を終濃度 300 μ g/ml になるように添加し、さらに 3 日間培養した。この間に一部の細胞は死滅して浮遊した。生き残った細胞をトリプシンで浮遊させ、新しい培養皿に播種した。

このようにして、取得した Nkx2.5/Csx あるいは GATA4 の安定形質転換細胞について、上記実施例 3 の方法により分化誘導を行い、心筋細胞への分化の効率を検定した。その結果、これら転写因子の強制発現により、心筋細胞への分化の効率が促進されたことが分かった。

実施例 7. 心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞でのテロメラーゼ活性

心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞のテロメラーゼ活性は Telomeric Repeat Amplification Protocol(TRAP)法により検討した (Oncor 社製 TRAPeze

Telomerase Detection Kit)。テロメラーゼ活性の測定は原則的に添付されていたプロトコールに従ったが、具体的には以下の通りに行った。まず、6cm 径の培養皿上で培養した心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞（およそ 10^6 個）を PBS で洗浄した後、 $200 \mu l$ の $1\times$ CHAPS 液を加え、氷上で 30 分間静置した。その後、溶液と共に細胞を 1.5ml 容遠沈管に回収し、14,000rpm で 20 分間遠心分離(4°C 、HITACHI 社製 himacCF15)し、上清を細胞抽出液として回収した。Protein assay (BioRad 社製) を用いて蛋白質含有量を測定したところ、上記条件で取得した心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞の細胞抽出液はおよそ 1mg/ml であった。

次にこの細胞抽出液を用いて、プロトコールに従ってテロメア伸長反応及び PCR 増幅を行った。Taq ポリメラーゼは EX Taq polymerase (宝酒造製) を用いた。反応終了後の試料は $10\times$ 染色液 (0.25%bromophenol blue, 0.25%Xylene cyanol FF, 30% glycerol) を 1/10 量添加し、12.5%ポリアクリルアミドゲル (TRAPeze Telomerase Detection Kit のプロトコールに記載されている通り調製) に載せ、250mV 定電圧下で泳動した。泳動後、ゲルをサイバーグリーン (FMC 社製) で染色し、蛍光色素分析装置、Fluorolmager(Molecular Dynamics 社製)を用いて解析した。その結果、細胞抽出液の終濃度が $0.4\sim4 \mu \text{g}/\text{ml}$ の試料でテロメラーゼ活性が検出された。

実施例 8. 心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞の心臓への移植

心筋細胞への分化能を有するマウス骨髓細胞をマウス心臓に移植するために、まず C3H/He マウス (日本チャールズリバー社製) に、エーテルを用いて麻酔の導入を行い、テルモ製のテルモシリング (1ml) を用いてチオペンタール 30mg の 腹腔内投与することで麻酔の維持を行った。マウスの四肢をテープでコルク板に固定し、さらに首が反り返るように上顎をゴムでコルク板に固定した。この時点で左右の上肢及び右下肢に心電図電極を刺入し心電図のモニタリングを行った。続いて、メーヨ剪刀 (NONAKA RIKAKI CO.,LTD NK-174-14)で頸部を気管にそって 1 cm ほど切開し、白十字社のベビー綿棒で甲状腺を左右に剥離をし、気管周囲の筋肉をマイクロ剪刀 (NONAKA RIKAKI CO.,LTD NY-334-08)で切開し気管を露出した。ついでマイクロフエザー (メス) で気管を 1mm ほど切開しここから J型に変型させたテルモ製サーフローフラッシュ (22G) の針を挿入し口腔から外に出し、この針をガイドにサーフロー

フラッシュ (20G) の外筒を気管内に挿入した。この外筒にレスピレータ (シナノ製作所製の MODEL SN-480-7) をつなぎ 100 パーセント酸素を 1ml/分で流し、一回換気量は 1ml、呼吸回数は 120/分で人工呼吸を開始した。このときにガイド針を挿入した穴からエアーがもれるので気管周囲の皮膚をモスキート鉗子(NONAKA RIKAKI CO.,LTD) を用いて気管をおおうようにして閉鎖した。つぎに、胸骨柄より頸部に向かい 2cm ほどメーヨ剪刀で切開、ついで胸骨を 2cm ほど胸骨柄から頸部に向かい切開をした。出血をバイポーラの電気メスで止血し、テルモ製のテルモシリソジ (1ml) にジエルサイエンス社製の 30G の針 (メタルハブ交換針 N730) をつけて心尖部に実施例 1 で得た心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞を PBS に浮遊した液体を 0.1ml 注入した。ついで ETHICON 社製の 4-0 ETHIBOND X761 を用いて胸骨の閉鎖、皮膚の閉鎖を行い、同じ針糸で頸部の皮膚の閉鎖をした。自発呼吸の出現を確認しレスピレータをはずしインファントウォーマーを 37°C に加熱しこの中で覚醒を待った。なお本実験の操作は DESIGN FOR VISON 4.5 × SURGICAL TELESCOPES を用いて行った。

移植した心筋細胞への分化能を有するマウス骨髄細胞が心筋に定着したことは、被移植マウスの心臓を摘出後、組織切片を作製し、GFP を認識する抗体で染色することにより確認した。

実施例 9. ラット骨髄からの心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の取得と培養

5 週齢の Wistar rat(日本 SLC 株式会社)雌 6 匹を頸椎脱臼した後、70% エタノールを充分かけ消毒した。次に足部の皮膚を広範囲に渡り切開し、大腿骨や脛骨を覆う筋肉を切除しながら、大腿骨と脛骨を取り出した。取り出した大腿骨と脛骨は PBS (GibcoBRL 社製) の入った 10cm 径培養皿(岩城硝子社製)に移し、筋肉及び関節を完全に切除した。続いてこれらの骨の両端をハサミで切り、20G 注射針を付けた 10ml 用注射器 (テルモ社製) を用いて、培養液 (D-PBS、GibcoBRL 社製) の水流で骨髄中の内容物を押し出した。取得した細胞塊はさらに注射器を通して一様になるようにはぐした。このようにして得た細胞浮遊液は 50ml 容遠沈管 (BECTON DICKINSON 社製) に回収し、1,500rpm で 10 分間遠心分離し (TOMY 社製低速遠心機) 、沈殿した細胞を 6ml の D-PBS 中に懸濁した。改良ノイバウエル型血球計算盤にて細胞数を計測した

ところ、回収した細胞は合計 2.6×10^9 個であった。大腿骨または脛骨 1 本当たりから 1×10^8 個の細胞を回収したことになる。回収した細胞は 1ml 当たり 1.3×10^8 個の濃度になるよう希釈し、50ml 容遠沈管に入った 1.073g/ml に調製された Percoll(Amersham Pharmacia Biotech 社製)/D-PBS 液 (25ml) 上に 5ml 重層した後、室温で 3,100rpm で 30 分間遠心分離した。遠心分離後、Percoll 液と細胞浮遊液との界面より細胞を回収し、D-PBS で 4 倍に希釈した後、2300rpm で 10 分間遠心分離し、分画した細胞集団を回収した。回収した細胞は 20%FCS、 $100 \mu\text{g}/\text{ml}$ penicillin, $250 \text{ ng}/\text{ml}$ streptomycin, $85 \mu\text{g}/\text{ml}$ amphotericin (GibcoBRL 社製) を含む IMDM 培地 (GibcoBRL 社製) に懸濁した。この時点で再度細胞数を計測したところ、回収した骨髓由来細胞は合計 4.7×10^7 個あり、処理前の細胞の約 2%相当を回収したことになる。このようにして分画した骨髓由来細胞は $2 \sim 5 \times 10^5$ 個/ cm^2 になるように 10cm 径の動物細胞用の培養皿（岩城硝子社製、以下 10cm 培養皿と略す）3 枚に撒き、CO₂ 培養器（タバイ社製）にて 33°C、5%CO₂ 濃度で培養を開始した。培地は 24 時間後、72 時間後にそれぞれ半分交換した。その 3 ~ 4 日後に培地を半分交換した。15 日経過し、コロニーが密集してきたので、細胞をトリプシン EDTA 処理ではがし、2/3 は 4ml の保存液 (10%DMSO、50%の骨髓由来細胞培養上清、40%の未使用上記培地) に懸濁し、2ml 容チューブ（住友ベーカライト社製）に 1 本当たり 1ml 分注して凍結保存し、残り 1/3 は 10cm 培養皿 2 枚に蒔き直し継代した。

実施例 10. ラット骨髓由来細胞の心筋細胞への分化能の検討

上記で継代したラット骨髓由来細胞は密集したところを再度トリプシン EDTA 処理ではがし、6 ウェルプレート (BECTON DICKINSON 社製) には 1 ウェル当たり 5×10^4 個になるように、またヒトフィブロネクチンをコートした 6cm 径の培養皿 (BECTON DICKINSON 社製 Biocoat) には 1.3×10^5 個になるように細胞を蒔き直した。1 日後に 5-アザシチジン (Sigma 社製、終濃度 $10 \mu\text{M}$) のみを加えたものと、5-アザシチジン、PDGF-BB (Pepro Tech EC LTD. 社製、終濃度 $10\text{ng}/\text{ml}$) 、all-trans レチノイン酸 (RA、Sigma 社製、終濃度 10^{-9}M) を加えた二種類の異なる培養条件培養を行い、2 日間培養した後に培地を交換した（後者の場合は培地交換時に再度 PDGF、all-trans レチノイン酸を加え、2 日後と 4 日後にさらに加えた）。その 3~4 日後に、培地を交

換し、3週間培養した。その結果5-アザシチジン、PDGF-BB、レチノイン酸を加えたもので筋管様細胞の分化が観察された。

産業上の利用可能性

本発明によれば、心筋細胞の破壊ならびに変性を伴う心疾患の治療ならびに治療薬の探索に有効な骨髄細胞、増殖因子、ビタミン、接着分子、及びこれらの利用法が提供される。

「配列表フリーテキスト」

配列番号33－人工配列の説明:合成DNA

配列番号34－人工配列の説明:合成DNA

配列番号35－人工配列の説明:合成DNA

配列番号36－人工配列の説明:合成DNA

配列番号37－人工配列の説明:合成DNA

配列番号38－人工配列の説明:合成DNA

配列番号39－人工配列の説明:合成DNA

配列番号40－人工配列の説明:合成DNA

配列番号41－人工配列の説明:合成DNA

配列番号42－人工配列の説明:合成DNA

配列番号43－人工配列の説明:合成DNA

配列番号44－人工配列の説明:合成DNA

配列番号45－人工配列の説明:合成DNA

配列番号46－人工配列の説明:合成DNA

配列番号47－人工配列の説明:合成DNA

配列番号48－人工配列の説明:合成DNA

配列番号49－人工配列の説明:合成DNA

配列番号50－人工配列の説明:合成DNA

配列番号51－人工配列の説明:合成DNA

配列番号52－人工配列の説明:合成DNA

配列番号53－人工配列の説明:合成DNA

配列番号 54 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 55 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 56 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 57 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 58 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 59 - 人工配列の説明:合成 DNA

配列番号 60 - 人工配列の説明:合成 DNA

請求の範囲

1. 骨髓から単離され、心筋細胞に分化する能力を有する細胞。
2. 少なくとも心筋細胞と脂肪細胞に分化する能力を有する多分化能幹細胞である、請求項 1 記載の細胞。
3. 心筋細胞のみに分化誘導される心筋幹細胞である、請求項 1 記載の細胞。
4. 心筋細胞のみに分化誘導される心筋前駆細胞である、請求項 1 記載の細胞。
5. 心室筋細胞に分化する能力を有する、請求項 1 記載の細胞。
6. 洞結節細胞に分化する能力を有する、請求項 1 記載の細胞。
7. 骨髓がほ乳動物由来のものである、請求項 1 記載の細胞。
8. ほ乳動物がヒト、ラットおよびマウスから選ばれるものである、請求項 7 記載の細胞
9. 細胞が、マウス骨髓由来幹細胞 BMSC(FERM BP-7043)である、請求項 1 記載の細胞。
10. 染色体 DNA の脱メチル化により心筋細胞に分化する能力を有する、請求項 1 記載の細胞。
11. 染色体 DNA の脱メチル化が、デメチラーゼ、5-アザシチジンおよびジメチルスルフォキシド (DMSO) からなる群から選ばれる少なくとも 1 種によるものであることを特徴とする、請求項 10 記載の細胞。
12. デメチラーゼが、配列番号 1 記載で表されるアミノ酸配列を有するデメチラーゼである、請求項 11 記載の細胞。
13. 胎児の心臓発生領域で発現している因子により心筋細胞への分化が促進される請求項 1 記載の細胞。
14. 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 13 記載の細胞。
15. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子により心筋細胞への分化が促進される請求項 1 記載の細胞。
16. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子がサイトカイン、接

着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であること
を特徴とする、請求項 15 記載の細胞。

17. サイトカインが血小板由来増殖因子 (PDGF) である、請求項 13 または 16 記
載の細胞。

18. PDGF が配列番号 3 または 5 で表されるアミノ酸配列を有する PDGF である、
請求項 17 記載の細胞。

19. 接着分子がフィブロネクチンである、請求項 14 または 16 記載の細胞。

20. ビタミンがレチノイン酸である、請求項 14 または 16 記載の細胞。

21. 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、
dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3 および TEF-5 からなる群から選ばれるものである、
請求項 14 または 16 記載の細胞。

22. Nkx2.5/Csx が配列番号 9 で表されるアミノ酸配列を有する Nkx2.5/Csx である、
請求項 21 記載の細胞。

23. GATA4 が配列番号 11 で表されるアミノ酸配列を有する GATA4 である、請求
項 21 記載の細胞。

24. MEF-2A が配列番号 13 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2A である、請
求項 21 記載の細胞。

25. MEF-2B が配列番号 15 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2B である、請
求項 21 記載の細胞。

26. MEF-2C が配列番号 17 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2C である、請
求項 21 記載の細胞。

27. MEF-2D が配列番号 19 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2D である、請
求項 21 記載の細胞。

28. dHAND が配列番号 21 で表されるアミノ酸配列を有する dHAND である、請
求項 21 記載の細胞。

29. eHAND が配列番号 23 で表されるアミノ酸配列を有する eHAND である、請
求項 21 記載の細胞。

30. TEF-1 が配列番号 25 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-1 である、請

項 21 記載の細胞。

31. TEF-3 が配列番号 27 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-3 である、請求項 21 記載の細胞。

32. TEF-5 が配列番号 29 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-5 である、請求項 21 記載の細胞。

33. 線維芽細胞増殖因子-2 (FGF-2) により心筋細胞への分化が抑制される請求項 1 記載の細胞。

34. FGF-2 が配列番号 7 または 8 記載のアミノ酸配列を有する FGF-2 である、請求項 33 記載の細胞。

35. 染色体 DNA の脱メチル化剤を用いて、骨髓由来の細胞から心筋を形成する方法。

36. 染色体 DNA の脱メチル化剤が、デメチラーゼ、5-アザシチジンおよび DMSO からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 35 記載の方法。

37. デメチラーゼが、配列番号 1 記載のアミノ酸配列で表されるデメチラーゼである、請求項 36 記載の方法。

38. 胎児の心臓発生領域で発現している因子を用いることを特徴とする、骨髓由来の細胞から心筋を形成する方法。

39. 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 38 記載の方法。

40. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子を用いることを特徴とする、骨髓由来の細胞から心筋を形成する方法。

41. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 40 記載の方法。

42. サイトカインが PDGF である、請求項 39 または 41 記載の方法。

43. PDGF が配列番号 3 または 5 記載のアミノ酸配列で表される PDGF である、請

求項 42 記載の方法。

44. 接着分子がフィブロネクチンである、請求項 39 または 41 記載の方法。
45. ビタミンがレチノイン酸である、請求項 39 または 41 記載の方法。
46. 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3 および TEF-5 からなる群から選ばれる、請求項 39 または 41 記載の方法。
47. Nkx2.5/Csx が、配列番号 9 で表されるアミノ酸配列を有する Nkx2.5/Csx である、請求項 46 記載の方法。
48. GATA4 が、配列番号 11 で表されるアミノ酸配列を有する GATA4 である、請求項 46 記載の方法。
49. MEF-2A が、配列番号 13 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2A である、請求項 46 記載の方法。
50. MEF-2B が、配列番号 15 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2B である、請求項 46 記載の方法。
51. MEF-2C が、配列番号 17 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2C である、請求項 46 記載の方法。
52. MEF-2D が、配列番号 19 で表されるアミノ酸配列を有する MEF-2D である、請求項 46 記載の方法。
53. dHAND が、配列番号 21 で表されるアミノ酸配列を有する dHAND である、請求項 46 記載の方法。
54. eHAND が、配列番号 23 で表されるアミノ酸配列を有する eHAND である、請求項 46 記載の方法。
55. TEF-1 が、配列番号 25 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-1 である、請求項 46 記載の方法。
56. TEF-3 が、配列番号 27 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-3 である、請求項 46 記載の方法。
57. TEF-5 が、配列番号 29 で表されるアミノ酸配列を有する TEF-5 である、請求項 46 記載の方法。

58. 染色体 DNA の脱メチル化剤を有効成分として含有することを特徴とする心筋形成剤。
59. 染色体 DNA の脱メチル化剤がデメチラーゼ、5-アザシチジンおよび DMSO からなる群から選ばれる少なくとも 1 種である、請求項 58 記載の心筋形成剤。
60. デメチラーゼが、配列番号 1 記載のアミノ酸配列で表されるデメチラーゼである、請求項 59 記載の心筋形成剤。
61. 胎児の心臓発生領域で発現している因子を有効成分として含有する心筋形成剤。
62. 胎児の心臓発生領域で発現している因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 61 記載の心筋形成剤。
63. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子を有効成分として含有することを特徴とする心筋形成剤。
64. 胎児の心臓発生段階において心筋細胞への分化に働く因子がサイトカイン、接着分子、ビタミンおよび転写因子からなる群から選ばれる少なくとも 1 種であることを特徴とする、請求項 63 記載の心筋形成剤。
65. サイトカインが PDGF である、請求項 62 または 64 記載の心筋形成剤。
66. PDGF が配列番号 3 または 5 記載のアミノ酸配列で表される、請求項 65 記載の心筋形成剤。
67. 接着分子がフィブロネクチンである、請求項 62 または 64 記載の心筋形成剤。
68. ビタミンがレチノイン酸である、請求項 62 または 64 記載の心筋形成剤。
69. 転写因子が、Nkx2.5/Csx、GATA4、MEF-2A、MEF-2B、MEF-2C、MEF-2D、dHAND、eHAND、TEF-1、TEF-3 および TEF-5 からなる群から選ばれる、請求項 62 または 64 記載の心筋形成剤。
70. Nkx2.5/Csx が、配列番号 9 記載のアミノ酸配列で表される Nkx2.5/Csx である、請求項 69 記載の心筋形成剤。
71. GATA4 が、配列番号 11 記載のアミノ酸配列で表される GATA4 である、請求項 69 記載の心筋形成剤。
72. MEF-2A が、配列番号 13 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2A である、請

求項 69 記載の心筋形成剤。

73. MEF-2B が、配列番号 1 5 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2B である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

74. MEF-2C が、配列番号 1 7 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2C である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

75. MEF-2D が、配列番号 1 9 記載のアミノ酸配列で表される MEF-2D である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

76. dHAND が、配列番号 2 1 記載のアミノ酸配列で表される dHAND である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

77. eHAND が、配列番号 2 3 記載のアミノ酸配列で表される eHAND である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

78. TEF-1 が、配列番号 2 5 記載のアミノ酸配列で表される TEF-1 である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

79. TEF-3 が、配列番号 2 7 記載のアミノ酸配列で表される TEF-3 である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

80. TEF-5 が、配列番号 2 9 記載のアミノ酸配列で表される TEF-5 である、請求項 69 記載の心筋形成剤。

81. 請求項 1 ~ 34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、心臓疾患により破壊された心臓を再生する方法。

82. 請求項 1 ~ 34 のいずれか 1 項に記載の細胞を有効成分とする心臓再生治療薬。

83. 心臓の先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子が導入された請求項 1 ~ 34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子を心筋へ特異的に輸送する方法。

84. 心臓の先天性遺伝子疾患での変異遺伝子に対する野生型遺伝子が導入された請求項 1 ~ 34 のいずれか 1 項に記載の細胞を有効成分として含有する心臓疾患治療薬。

85. 請求項 1 ~ 34 のいずれか 1 項に記載の細胞を免疫原として用いることを特徴とする、該細胞を特異的に認識する抗体を取得する方法。

86. 請求項 85 記載の方法で取得された抗体を用いることを特徴とする、ヒト骨髓

から心筋細胞への分化能を有する成体骨髓由来細胞を単離・精製する方法。

87. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞に特異的な表面抗原を取得する方法。

88. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞を増殖する因子をスクリーニングする方法。

89. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞の心筋細胞への分化を誘導する因子をスクリーニングする方法。

90. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、該細胞を不死化する因子をスクリーニングする方法。

91. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞にテロメラーゼを発現させることを特徴とする、該細胞の不死化方法。

92. テロメラーゼが、配列番号 31 記載で表されるアミノ酸配列を有するテロメラーゼである請求項 91 記載の方法。

93. テロメラーゼを発現させることにより、不死化させた請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を有効成分として含有する心臓疾患治療薬。

94. テロメラーゼが、配列番号 31 記載で表されるアミノ酸配列を有するテロメラーゼである請求項 93 記載の治療薬。

95. 請求項 1～34 のいずれか 1 項に記載の細胞を含んだ培養上清。

96. 請求項 95 記載の培養上清を用いることを特徴とする、請求項 1 記載の細胞を心筋細胞に分化誘導する方法。

要 約 書

本発明は、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の単離、精製、培養、分化誘導法に関する。また本発明は、各種サイトカイン、転写因子などを用いた、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の増殖方法および心筋細胞への分化を制御する方法に関する。本発明はさらに、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞に特異的な表面抗原の取得方法、該表面抗原をコードする遺伝子の取得方法、該表面抗原特異的な抗体の取得方法、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞の増殖および心筋細胞への分化に関与する蛋白質および遺伝子の取得方法に関する。本発明はまた、心筋細胞への分化能を有する骨髄細胞を用いた各種心臓疾患の治療薬に関する。

配列表

SEQUENCING LISTING

<110> KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD

<111> ADULT BONE MARROW-DERIVED CELLS HAVING THE POTENTIAL TO DIFFERENTIATE
INTO CARDIOMYOCYTES /

<130>11217W01

<140>

<141>

<150>H11-372826

<151>1999-12-28

<160>60

<170>PatentIn Ver.2.0

<210> 1

<211> 411

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Arg Ala His Pro Gly Gly Gly Arg Cys Cys Pro Glu Gln Glu Glu

1

5

10

15

Gly Glu Ser Ala Ala Gly Gly Ser Gly Ala Gly Gly Asp Ser Ala Ile
20 25 30

Glu Gln Gly Gly Gln Gly Ser Ala Leu Ala Pro Ser Pro Val Ser Gly
35 40 45

Val Arg Arg Glu Gly Ala Arg Gly Gly Arg Gly Arg Gly Arg Trp
50 55 60

Lys Gln Ala Gly Arg Gly Gly Val Cys Gly Arg Gly Arg Gly Arg
65 70 75 80

Gly Arg
85 90 95

Pro Pro Ser Gly Gly Ser Gly Leu Gly Gly Asp Gly Gly Cys Gly
100 105 110

Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ala Pro Arg Arg Glu Pro Val Pro
115 120 125

Phe Pro Ser Gly Ser Ala Gly Pro Gly Pro Arg Gly Pro Arg Ala Thr
130 135 140

Glu Ser Gly Lys Arg Met Asp Cys Pro Ala Leu Pro Pro Gly Trp Lys
145 150 155 160

Lys Glu Glu Val Ile Arg Lys Ser Gly Leu Ser Ala Gly Lys Ser Asp
165 170 175

Val Tyr Tyr Phe Ser Pro Ser Gly Lys Lys Phe Arg Ser Lys Pro Gln
180 185 190

Leu Ala Arg Tyr Leu Gly Asn Thr Val Asp Leu Ser Ser Phe Asp Phe
195 200 205

Arg Thr Gly Lys Met Met Pro Ser Lys Leu Gln Lys Asn Lys Gln Arg
210 215 220

Leu Arg Asn Asp Pro Leu Asn Gln Asn Lys Gly Lys Pro Asp Leu Asn
225 230 235 240

Thr Thr Leu Pro Ile Arg Gln Thr Ala Ser Ile Phe Lys Gln Pro Val
245 250 255

Thr Lys Val Thr Asn His Pro Ser Asn Lys Val Lys Ser Asp Pro Gln
260 / 265 270

Arg Met Asn Glu Gln Pro Arg Gln Leu Phe Trp Glu Lys Arg Leu Gln
275 280 285

Gly Leu Ser Ala Ser Asp Val Thr Glu Gln Ile Ile Lys Thr Met Glu
290 295 300

Leu Pro Lys Gly Leu Gln Gly Val Gly Pro Gly Ser Asn Asp Glu Thr
305 310 315 320

Leu Leu Ser Ala Val Ala Ser Ala Leu His Thr Ser Ser Ala Pro Ile
325 330 335

Thr Gly Gln Val Ser Ala Ala Val Glu Lys Asn Pro Ala Val Trp Leu
340 345 350

Asn Thr Ser Gln Pro Leu Cys Lys Ala Phe Ile Val Thr Asp Glu Asp
355 360 365

Ile Arg Lys Gln Glu Glu Arg Val Gln Gln Val Arg Lys Lys Leu Glu
370 375 380

Glu Ala Leu Met Ala Asp Ile Leu Ser Arg Ala Ala Asp Thr Glu Glu
385 390 395 400

Met Asp Ile Glu Met Asp Ser Gly Asp Glu Ala
405 410

<210> 2

<211> 1233

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1236)

<400> 2

atg cgc gcg cac ccg ggg gga ggc cgc tgc tgc ccg gag cag gag gag 48

Met Arg Ala His Pro Gly Gly Gly Arg Cys Cys Pro Glu Gln Glu Glu

1

5

10

15

ggg gag agt gcg gcg ggc agc ggc gct ggc ggc gac tcc gcc ata 96

Gly Glu Ser Ala Ala Gly Ser Gly Ala Gly Gly Asp Ser Ala Ile

20

25

30

gag cag ggg ggc cag ggc agc gcg ctc gcc ccg tcc ccg gtg agc ggc 144

Glu Gln Gly Gln Gly Ser Ala Leu Ala Pro Ser Pro Val Ser Gly

35

40

45

gtg cgc agg gaa ggc gct cgg ggc ggc cgt ggc cgg ggg cgg tgg 192

Val Arg Arg Glu Gly Ala Arg Gly Gly Arg Gly Arg Gly Arg Trp

50

55

60

aag cag gcg ggc cgg ggc ggc gtc tgt ggc cgt ggc cgg ggc cgg 240

Lys Gln Ala Gly Arg Gly Gly Val Cys Gly Arg Gly Arg Gly Arg

65

70

75

80

ggc cgt ggc cgg gga cgg gga cgg ggc cgg ggc cgg ggc cgc ggc cgt 288

Gly Arg Gly Arg

85

90

95

ccc ccg agt ggc ggc agc ggc ctt ggc gac ggc ggc ggc tgc ggc 336

Pro Pro Ser Gly Gly Ser Gly Leu Gly Gly Asp Gly Gly Cys Gly

100	105	110	
ggc ggc ggc agc ggt ggc ggc ggc ccc cgg cgg gag ccg gtc cct			384
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ala Pro Arg Arg Glu Pro Val Pro			
115	120	125	
ttc ccg tcg ggg agc gcg ggg ccg ggg ccc agg gga ccc cgg gcc acg			432
Phe Pro Ser Gly Ser Ala Gly Pro Gly Pro Arg Gly Pro Arg Ala Thr			
130	135	140	
gag agc ggg aag agg atg gat tgc ccg gcc ctc ccc ccc gga tgg aag			480
Glu Ser Gly Lys Arg Met Asp Cys Pro Ala Leu Pro Pro Gly Trp Lys			
145	150	155	160
aag gag gaa gtg atc cga aaa tct ggg cta agt gct ggc aag agc gat			528
Lys Glu Glu Val Ile Arg Lys Ser Gly Leu Ser Ala Gly Lys Ser Asp			
165	170	175	
gtc tac tac ttc agt cca agt ggt aag aag ttc aga agc aag cct cag			576
Val Tyr Tyr Phe Ser Pro Ser Gly Lys Lys Phe Arg Ser Lys Pro Gln			
180	185	190	
ttg gca agg tac ctg gga aat act gtt gat ctc agc agt ttt gac ttc			624
Leu Ala Arg Tyr Leu Gly Asn Thr Val Asp Leu Ser Ser Phe Asp Phe			
195	200	205	
aga act gga aag atg atg cct agt aaa tta cag aag aac aaa cag aga			672
Arg Thr Gly Lys Met Met Pro Ser Lys Leu Gln Lys Asn Lys Gln Arg			
210	215	220	
ctg cga aac gat cct ctc aat caa aat aag ggt aaa cca gac ttg aat			720
Leu Arg Asn Asp Pro Leu Asn Gln Asn Lys Gly Lys Pro Asp Leu Asn			
225	230	235	240
aca aca ttg cca att aga caa aca gca tca att ttc aaa caa ccg gta			768

Thr	Thr	Leu	Pro	Ile	Arg	Gln	Thr	Ala	Ser	Ile	Phe	Lys	Gln	Pro	Val	
245							250							255		
acc	aaa	gtc	aca	aat	cat	cct	agt	aat	aaa	gtg	aaa	tca	gac	cca	caa	816
Thr	Lys	Val	Thr	Asn	His	Pro	Ser	Asn	Lys	Val	Lys	Ser	Asp	Pro	Gln	
260							265							270		
cga	atg	aat	gaa	cag	cca	cgt	cag	ctt	ttc	tgg	gag	aag	agg	cta	caa	864
Arg	Met	Asn	Glu	Gln	Pro	Arg	Gln	Leu	Phe	Trp	Glu	Lys	Arg	Leu	Gln	
275							280							285		
gga	ctt	agt	gca	tca	gat	gta	aca	gaa	caa	att	ata	aaa	acc	atg	gaa	912
Gly	Leu	Ser	Ala	Ser	Asp	Val	Thr	Glu	Gln	Ile	Ile	Lys	Thr	Met	Glu	
290							295							300		
cta	ccc	aaa	ggt	ctt	caa	gga	gtt	ggt	cca	ggt	agc	aat	gat	gag	acc	960
Leu	Pro	Lys	Gly	Leu	Gln	Gly	Val	Gly	Pro	Gly	Ser	Asn	Asp	Glu	Thr	
305				310					315					320		
ctt	tta	tct	gct	gtt	gcc	agt	gct	ttg	cac	aca	agc	tct	gcg	cca	atc	1008
Leu	Leu	Ser	Ala	Val	Ala	Ser	Ala	Leu	His	Thr	Ser	Ser	Ala	Pro	Ile	
325							330							335		
aca	ggg	caa	gtc	tcc	gct	gct	gtg	gaa	aag	aac	cct	gct	gtt	tgg	ctt	1056
Thr	Gly	Gln	Val	Ser	Ala	Ala	Val	Glu	Lys	Asn	Pro	Ala	Val	Trp	Leu	
340							345							350		
aac	aca	tct	caa	ccc	ctc	tgc	aaa	gct	ttt	att	gtc	aca	gat	gaa	gac	1104
Asn	Thr	Ser	Gln	Pro	Leu	Cys	Lys	Ala	Phe	Ile	Val	Thr	Asp	Glu	Asp	
355							360							365		
atc	agg	aaa	cag	gaa	gag	cga	gta	cag	caa	gta	cgc	aag	aaa	ttg	gaa	1152
Ile	Arg	Lys	Gln	Glu	Glu	Arg	Val	Gln	Gln	Val	Arg	Lys	Lys	Leu	Glu	
370							375							380		

gaa gca ctg atg gca gac atc ttg tcg cga gct gct gat aca gaa gag 1200
 Glu Ala Leu Met Ala Asp Ile Leu Ser Arg Ala Ala Asp Thr Glu Glu
 385 390 395 400
 atg gat att gaa atg gac agt gga gat gaa gcc 1233
 Met Asp Ile Glu Met Asp Ser Gly Asp Glu Ala
 405 410 /
 <210> 3
 <211> 196
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 3
 Met Arg Thr Leu Ala Cys Leu Leu Leu Gly Cys Gly Tyr Leu Ala
 1 5 10 15
 His Val Leu Ala Glu Glu Ala Glu Ile Pro Arg Glu Val Ile Glu Arg
 20 25 30
 Leu Ala Arg Ser Gln Ile His Ser Ile Arg Asp Leu Gln Arg Leu Leu
 35 40 45
 Glu Ile Asp Ser Val Gly Ser Glu Asp Ser Leu Asp Thr Ser Leu Arg
 50 55 60
 Ala His Gly Val His Ala Thr Lys His Val Pro Glu Lys Arg Pro Leu
 65 70 75 80
 Pro Ile Arg Arg Lys Arg Ser Ile Glu Glu Ala Val Pro Ala Val Cys
 85 90 95
 Lys Thr Arg Thr Val Ile Tyr Glu Ile Pro Arg Ser Gln Val Asp Pro
 100 105 110
 Thr Ser Ala Asn Phe Leu Ile Trp Pro Pro Cys Val Glu Val Lys Arg

115	120	125	
Cys Thr Gly Cys Cys Asn Thr Ser Ser Val Lys Cys Gln Pro Ser Arg			
130	135	140	
Val His His Arg Ser Val Lys Val Ala Lys Val Glu Tyr Val Arg Lys			
145	150	155	160
Lys Pro Lys Leu Lys Glu Val Gln Val Arg Leu Glu Glu His Leu Glu			
165	170	175	
Cys Ala Cys Ala Thr Thr Ser Leu Asn Pro Asp Tyr Arg Glu Glu Asp			
180	185	190	
Thr Asp Val Arg			
195			
<210> 4			
<211> 588			
<212> DNA			
<213> Homo sapiens			
<220>			
<221> CDS			
<223> (1)..(591)			
<400> 4			
atg agg acc ttg gct tgc ctg ctg ctc ctc ggc tgc gga tac ctc gcc	48		
Met Arg Thr Leu Ala Cys Leu Leu Leu Gly Cys Gly Tyr Leu Ala			
1	5	10	15
cat gtt ctg gcc gag gaa gcc gag atc ccc cgc gag gtg atc gag agg	96		
His Val Leu Ala Glu Glu Ala Glu Ile Pro Arg Glu Val Ile Glu Arg			
20	25	30	
ctg gcc cgc agt cag atc cac agc atc cgg gac ctc cag cga ctc ctg	144		

Leu Ala Arg Ser Gln Ile His Ser Ile Arg Asp Leu Gln Arg Leu Leu
 35 40 45
 gag ata gac tcc gta ggg agt gag gat tct ttg gac acc agc ctg aga 192
 Glu Ile Asp Ser Val Gly Ser Glu Asp Ser Leu Asp Thr Ser Leu Arg
 50 55 60
 gct cac ggg gtc cac gcc act aag cat gtg ccc gag aag cgg ccc ctg 240
 Ala His Gly Val His Ala Thr Lys His Val Pro Glu Lys Arg Pro Leu
 65 70 75 80
 ccc att cg^g agg aag aga agc atc gag gaa gct gtc ccc gct gtc tgc 288
 Pro Ile Arg Arg Lys Arg Ser Ile Glu Glu Ala Val Pro Ala Val Cys
 85 90 95
 aag acc agg acg gtc att tac gag att cct cg^g agt cag gtc gac ccc 336
 Lys Thr Arg Thr Val Ile Tyr Glu Ile Pro Arg Ser Gln Val Asp Pro
 100 105 110
 acg tcc gcc aac ttc ctg atc tgg ccc ccg tgc gtg gag gtg aaa cgc 384
 Thr Ser Ala Asn Phe Leu Ile Trp Pro Pro Cys Val Glu Val Lys Arg
 115 120 125
 tgc acc ggc tgc tgc aac acg acg agt gtc aag tgc cag ccc tcc cgc 432
 Cys Thr Gly Cys Cys Asn Thr Ser Ser Val Lys Cys Gln Pro Ser Arg
 130 135 140
 gtc cac cac cgc agc gtc aag gtg gcc aag gtg gaa tac gtc agg aag 480
 Val His His Arg Ser Val Lys Val Ala Lys Val Glu Tyr Val Arg Lys
 145 150 155 160
 aag cca aaa tta aaa gaa gtc cag gtg agg tta gag gag cat ttg gag 528
 Lys Pro Lys Leu Lys Glu Val Gln Val Arg Leu Glu Glu His Leu Glu
 165 170 175

tgc gcc tgc gcg acc aca agc ctg aat ccg gat tat cgg gaa gag gac 576
Cys Ala Cys Ala Thr Thr Ser Leu Asn Pro Asp Tyr Arg Glu Glu Asp
180 185 190
acg gat gtg agg 588
Thr Asp Val Arg
195 /
<210> 5
<211> 241
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 5
Met Asn Arg Cys Trp Ala Leu Phe Leu Ser Leu Cys Cys Tyr Leu Arg
1 5 10 15
Leu Val Ser Ala Glu Gly Asp Pro Ile Pro Glu Glu Leu Tyr Glu Met
20 25 30
Leu Ser Asp His Ser Ile Arg Ser Phe Asp Asp Leu Gln Arg Leu Leu
35 40 45
His Gly Asp Pro Gly Glu Asp Gly Ala Glu Leu Asp Leu Asn Met
50 55 60
Thr Arg Ser His Ser Gly Gly Glu Leu Glu Ser Leu Ala Arg Gly Arg
65 70 75 80
Arg Ser Leu Gly Ser Leu Thr Ile Ala Glu Pro Ala Met Ile Ala Glu
85 90 95
Cys Lys Thr Arg Thr Glu Val Phe Glu Ile Ser Arg Arg Leu Ile Asp
100 105 110
Arg Thr Asn Ala Asn Phe Leu Val Trp Pro Pro Cys Val Glu Val Gln

115	120	125
Arg Cys Ser Gly Cys Cys Asn Asn Arg Asn Val Gln Cys Arg Pro Thr		
130	135	140
Gln Val Gln Leu Arg Pro Val Gln Val Arg Lys Ile Glu Ile Val Arg		
145	150	155
Lys Lys Pro Ile Phe Lys Lys Ala Thr Val Thr Leu Glu Asp His Leu		
165	170	175
Ala Cys Lys Cys Glu Thr Val Ala Ala Ala Arg Pro Val Thr Arg Ser		
180	185	190
Pro Gly Gly Ser Gln Glu Gln Arg Ala Lys Thr Pro Gln Thr Arg Val		
195	200	205
Thr Ile Arg Thr Val Arg Val Arg Arg Pro Pro Lys Gly Lys His Arg		
210	215	220
Lys Phe Lys His Thr His Asp Lys Thr Ala Leu Lys Glu Thr Leu Gly		
225	230	235
Ala		240
<210> 6		
<211> 723		
<212> DNA		
<213> Homo sapiens		
<220>		
<221> CDS		
<223> (1)..(726)		
<400> 6		
atg aat cgc tgc tgg gcg ctc ttc ctg tct ctc tgc tac ctg cgt	48	
Met Asn Arg Cys Trp Ala Leu Phe Leu Ser Leu Cys Cys Tyr Leu Arg		

1	5	10	15	
ctg gtc agc gcc gag ggg gac ccc att ccc gag gag ctt tat gag atg				96
Leu Val Ser Ala Glu Gly Asp Pro Ile Pro Glu Glu Leu Tyr Glu Met				
20	25	30		
ctg agt gac cac tcg atc cgc tcc ttt gat gat ctc caa cgc ctg ctg				144
Leu Ser Asp His Ser Ile Arg Ser Phe Asp/Asp Leu Gln Arg Leu Leu				
35	40	45		
cac gga gac ccc gga gag gaa gat ggg gcc gag ttg gac ctg aac atg				192
His Gly Asp Pro Gly Glu Glu Asp Gly Ala Glu Leu Asp Leu Asn Met				
50	55	60		
acc cgc tcc cac tct gga ggc gag ctg gag agc ttg gct cgt gga aga				240
Thr Arg Ser His Ser Gly Gly Glu Leu Glu Ser Leu Ala Arg Gly Arg				
65	70	75	80	
agg agc ctg ggt tcc ctg acc att gct gag ccg gcc atg atc gcc gag				288
Arg Ser Leu Gly Ser Leu Thr Ile Ala Glu Pro Ala Met Ile Ala Glu				
85	90	95		
tgt aag acg cgc acc gag gtg ttc gag atc tcc cgg cgc ctc ata gac				336
Cys Lys Thr Arg Thr Glu Val Phe Glu Ile Ser Arg Arg Leu Ile Asp				
100	105	110		
cgc acc aac gcc aac ttc ctg gtg tgg ccg ccc tgt gtg gag gtg cag				384
Arg Thr Asn Ala Asn Phe Leu Val Trp Pro Pro Cys Val Glu Val Gln				
115	120	125		
cgc tgc tcc ggc tgc aac aac cgc aac gtg cag tgc cgc ccc acc				432
Arg Cys Ser Gly Cys Cys Asn Asn Arg Asn Val Gln Cys Arg Pro Thr				
130	135	140		
cag gtg cag ctg cga cct gtc cag gtg aga aag atc gag att gtg cgg				480

Gln Val Gln Leu Arg Pro Val Gln Val Arg Lys Ile Glu Ile Val Arg
 145 150 155 160
 aag aag cca atc ttt aag aag gcc acg gtg acg ctg gaa gac cac ctg 528
 Lys Lys Pro Ile Phe Lys Lys Ala Thr Val Thr Leu Glu Asp His Leu
 165 170 175
 gca tgc aag tgt gag aca gtg gca gct gca cgg cct gtg acc cga agc 576
 Ala Cys Lys Cys Glu Thr Val Ala Ala Ala Arg Pro Val Thr Arg Ser
 180 185 190
 ccg ggg ggt tcc cag gag cag cga gcc aaa acg ccc caa act cgg gtg 624
 Pro Gly Gly Ser Gln Glu Gln Arg Ala Lys Thr Pro Gln Thr Arg Val
 195 200 205
 acc att cgg acg gtg cga gtc cgc cgg ccc ccc aag ggc aag cac cgg 672
 Thr Ile Arg Thr Val Arg Val Arg Arg Pro Pro Lys Gly Lys His Arg
 210 215 220
 aaa ttc aag cac acg cat gac aag acg gca ctg aag gag acc ctt gga 720
 Lys Phe Lys His Thr His Asp Lys Thr Ala Leu Lys Glu Thr Leu Gly
 225 230 235 240
 gcc 723
 Ala
 <210> 7
 <211> 155
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 7
 Met Ala Ala Gly Ser Ile Thr Thr Leu Pro Ala Leu Pro Glu Asp Gly
 1 5 10 15

Gly Ser Gly Ala Phe Pro Pro Gly His Phe Lys Asp Pro Lys Arg Leu
20 25 30

Tyr Cys Lys Asn Gly Gly Phe Phe Leu Arg Ile His Pro Asp Gly Arg
35 40 45

Val Asp Gly Val Arg Glu Lys Ser Asp Pro His Ile Lys Leu Gln Leu
50 / 55 60

Gln Ala Glu Glu Arg Gly Val Val Ser Ile Lys Gly Val Cys Ala Asn
65 70 75 80

Arg Tyr Leu Ala Met Lys Glu Asp Gly Arg Leu Leu Ala Ser Lys Cys
85 90 95

Val Thr Asp Glu Cys Phe Phe Glu Arg Leu Glu Ser Asn Asn Tyr
100 105 110

Asn Thr Tyr Arg Ser Arg Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Val Ala Leu Lys
115 120 125

Arg Thr Gly Gln Tyr Lys Leu Gly Ser Lys Thr Gly Pro Gly Gln Lys
130 135 140

Ala Ile Leu Phe Leu Pro Met Ser Ala Lys Ser
145 150

<210> 8

<211> 465

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(468)

<400> 8

atg gca gcc ggg agc atc acc acg ctg ccc gcc ttg ccc gag gat ggc	48		
Met Ala Ala Gly Ser Ile Thr Thr Leu Pro Ala Leu Pro Glu Asp Gly			
1	5	10	15
ggc agc ggc gcc ttc ccg ccc ggc cac ttc aag gac ccc aag cgg ctg	96		
Gly Ser Gly Ala Phe Pro Pro Gly His Phe Lys Asp Pro Lys Arg Leu			
20	25	/	30
tac tgc aaa aac ggg ggc ttc ttc ctg cgc atc cac ccc gac ggc cga	144		
Tyr Cys Lys Asn Gly Gly Phe Phe Leu Arg Ile His Pro Asp Gly Arg			
35	40	45	
gtt gac ggg gtc cgg gag aag agc gac cct cac atc aag cta caa ctt	192		
Val Asp Gly Val Arg Glu Lys Ser Asp Pro His Ile Lys Leu Gln Leu			
50	55	60	
caa gca gaa gag aga gga gtt gtg tct atc aaa gga gtg tgt gct aac	240		
Gln Ala Glu Glu Arg Gly Val Val Ser Ile Lys Gly Val Cys Ala Asn			
65	70	75	80
cgt tac ctg gct atg aag gaa gat gga aga tta ctg gct tct aaa tgt	288		
Arg Tyr Leu Ala Met Lys Glu Asp Gly Arg Leu Leu Ala Ser Lys Cys			
85	90	95	
gtt acg gat gag tgt ttc ttt ttt gaa cga ttg gaa tct aat aac tac	336		
Val Thr Asp Glu Cys Phe Phe Glu Arg Leu Glu Ser Asn Asn Tyr			
100	105	110	
aat act tac cgg tca agg aaa tac acc agt tgg tat gtg gca ttg aaa	384		
Asn Thr Tyr Arg Ser Arg Lys Tyr Thr Ser Trp Tyr Val Ala Leu Lys			
115	120	125	
cga act ggg cag tat aaa ctt gga tcc aaa aca gga cct ggg cag aaa	432		
Arg Thr Gly Gln Tyr Lys Leu Gly Ser Lys Thr Gly Pro Gly Gln Lys			

130 135 140
gct ata ctt ttt ctt cca atg tct gct aag agc 465
Ala Ile Leu Phe Leu Pro Met Ser Ala Lys Ser
145 150 155
<210> 9 /
<211> 324 /
<212> PRT /
<213> Homo sapiens
<400> 9
Met Phe Pro Ser Pro Ala Leu Thr Pro Thr Pro Phe Ser Val Lys Asp
1 5 10 15
Ile Leu Asn Leu Glu Gln Gln Gln Arg Ser Leu Ala Ala Ala Gly Glu
20 25 30
Leu Ser Ala Arg Leu Glu Ala Thr Leu Ala Pro Ser Ser Cys Met Leu
35 40 45
Ala Ala Phe Lys Pro Glu Ala Tyr Ala Gly Pro Glu Ala Ala Ala Pro
50 55 60
Gly Leu Pro Glu Leu Arg Ala Glu Leu Gly Arg Ala Pro Ser Pro Ala
65 70 75 80
Lys Cys Ala Ser Ala Phe Pro Ala Ala Pro Ala Phe Tyr Pro Arg Ala
85 90 95
Tyr Ser Asp Pro Asp Pro Ala Lys Asp Pro Arg Ala Glu Lys Lys Glu
100 105 110
Leu Cys Ala Leu Gln Lys Ala Val Glu Leu Glu Lys Thr Glu Ala Asp
115 120 125
Asn Ala Glu Arg Pro Arg Ala Arg Arg Arg Lys Pro Arg Val Leu

130 135 140
Phe Ser Gln Ala Gln Val Tyr Glu Leu Glu Arg Arg Phe Lys Gln Gln
145 150 155 160
Arg Tyr Leu Ser Ala Pro Glu Arg Asp Gln Leu Ala Ser Val Leu Lys
165 170 175
Leu Thr Ser Thr Gln Val Lys Ile Trp Phe Gln Asn Arg Arg Tyr Lys
180 185 190
Cys Lys Arg Gln Arg Gln Asp Gln Thr Leu Glu Leu Val Gly Leu Pro
195 200 205
Pro Pro Pro Pro Pro Ala Arg Arg Ile Ala Val Pro Val Leu Val
210 215 220
Arg Asp Gly Lys Pro Cys Leu Gly Asp Ser Ala Pro Tyr Ala Pro Ala
225 230 235 240
Tyr Gly Val Gly Leu Asn Pro Tyr Gly Tyr Asn Ala Tyr Pro Ala Tyr
245 250 255
Pro Gly Tyr Gly Gly Ala Ala Cys Ser Pro Gly Tyr Ser Cys Thr Ala
260 265 270
Ala Tyr Pro Ala Gly Pro Ser Pro Ala Gln Pro Ala Thr Ala Ala Ala
275 280 285
Asn Asn Asn Phe Val Asn Phe Gly Val Gly Asp Leu Asn Ala Val Gln
290 295 300
Ser Pro Gly Ile Pro Gln Ser Asn Ser Gly Val Ser Thr Leu His Gly
305 310 315 320
Ile Arg Ala Trp

<210> 10

<211> 972
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <223> (1)..(975) /
 <400> 10

atg	ttc	ccc	agc	cct	gct	ctc	acg	ccc	acg	ccc	ttc	tca	gtc	aaa	gac	48
Met	Phe	Pro	Ser	Pro	Ala	Leu	Thr	Pro	Thr	Pro	Phe	Ser	Val	Lys	Asp	
1	5							10						15		
atc	cta	aac	ctg	gaa	cag	cag	cag	cgc	agc	ctg	gct	gcc	gcc	gga	gag	96
Ile	Leu	Asn	Leu	Glu	Gln	Gln	Gln	Arg	Ser	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly	Glu	
20								25						30		
ctc	tct	gcc	cgc	ctg	gag	gag	acc	ctg	gcg	ccc	tcc	tcc	tgc	atg	ctg	144
Leu	Ser	Ala	Arg	Leu	Glu	Ala	Thr	Leu	Ala	Pro	Ser	Ser	Cys	Met	Leu	
35							40						45			
gcc	gcc	ttc	aag	cca	gag	gcc	tac	gct	ggg	ccc	gag	gcg	gct	gcg	ccg	192
Ala	Ala	Phe	Lys	Pro	Glu	Ala	Tyr	Ala	Gly	Pro	Glu	Ala	Ala	Ala	Pro	
50							55					60				
ggc	ctc	cca	gag	ctg	cgc	gca	gag	ctg	ggc	cgc	gcf	cct	tca	ccg	gcc	240
Gly	Leu	Pro	Glu	Leu	Arg	Ala	Glu	Leu	Gly	Arg	Ala	Pro	Ser	Pro	Ala	
65							70				75		80			
aag	tgt	gct	tct	gcc	ttt	ccc	gcc	ccc	gcc	tcc	tat	cca	cgt	gcc	288	
Lys	Cys	Ala	Ser	Ala	Phe	Pro	Ala	Ala	Pro	Ala	Phe	Tyr	Pro	Arg	Ala	
85							90						95			
tac	agc	gac	ccc	gac	cca	aag	gac	cct	aga	gcc	gaa	aag	aaa	gag	336	

Tyr Ser Asp Pro Asp Pro Ala Lys Asp Pro Arg Ala Glu Lys Lys Glu
 100 105 110
 ctg tgc gcg ctg cag aag gcg gtg gag ctg gag aag aca gag gcg gac 384
 Leu Cys Ala Leu Gln Lys Ala Val Glu Leu Glu Lys Thr Glu Ala Asp
 115 120 125
 / aac gcg gag cgg ccc cgg gcg cga cgg cgg agg aag ccg cgc gtg ctc 432
 Asn Ala Glu Arg Pro Arg Ala Arg Arg Arg Lys Pro Arg Val Leu
 130 135 140
 ttc tcg cag gcg cag gtc tat gag ctg gag cgg cgc ttc aag cag cag 480
 Phe Ser Gln Ala Gln Val Tyr Glu Leu Glu Arg Arg Phe Lys Gln Gln
 145 150 155 160
 cggt tac ctg tcg gcc ccc gaa cgc gac cag ctg gcc agc gtg ctg aaa 528
 Arg Tyr Leu Ser Ala Pro Glu Arg Asp Gln Leu Ala Ser Val Leu Lys
 165 170 175
 ctc acg tcc acg cag gtc aag atc tgg ttc cag aac cgg cgc tac aag 576
 Leu Thr Ser Thr Gln Val Lys Ile Trp Phe Gln Asn Arg Arg Tyr Lys
 180 185 190
 tgc aag cgg cag cgg cag gac cag act ctg gag ctg gtg ggg ctg ccc 624
 Cys Lys Arg Gln Arg Gln Asp Gln Thr Leu Glu Leu Val Gly Leu Pro
 195 200 205
 ccg ccg ccg ccg cct gcc cgc agg atc gcg gtg cca gtg ctg gtg 672
 Pro Pro Pro Pro Pro Pro Ala Arg Arg Ile Ala Val Pro Val Leu Val
 210 215 220
 cgc gat ggc aag cca tgc cta ggg gac tgc gcg ccc tac gcg cct gcc 720
 Arg Asp Gly Lys Pro Cys Leu Gly Asp Ser Ala Pro Tyr Ala Pro Ala
 225 230 235 240

tac ggc gtg ggc ctc aat ccc tac ggt tat aac gcc tac ccc gcc tat			768
Tyr Gly Val Gly Leu Asn Pro Tyr Gly Tyr Asn Ala Tyr Pro Ala Tyr			
245	250	255	
ccg ggt tac ggc ggc gcg gcc tgc agc cct ggc tac agc tgc act gcc			816
Pro Gly Tyr Gly Gly Ala Ala Cys Ser Pro Gly Tyr Ser Cys Thr Ala			
260	/ 265	270	
gct tac ccc gcc ggg cct tcc cca gcg cag ccg gcc act gcc gcc gcc			864
Ala Tyr Pro Ala Gly Pro Ser Pro Ala Gln Pro Ala Thr Ala Ala			
275	280	285	
aac aac aac ttc gtg aac ttc ggc gtc ggg gac ttg aat gcg gtt cag			912
Asn Asn Asn Phe Val Asn Phe Gly Val Gly Asp Leu Asn Ala Val Gln			
290	295	300	
agc ccc ggg att ccg cag agc aac tcg gga gtg tcc acg ctg cat ggt			960
Ser Pro Gly Ile Pro Gln Ser Asn Ser Gly Val Ser Thr Leu His Gly			
305	310	315	320
atc cga gcc tgg			972
Ile Arg Ala Trp			
324			
<210> 11			
<211> 442			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 11			
Met Tyr Gln Ser Leu Ala Met Ala Ala Asn His Gly Pro Pro Pro Gly			
1	5	10	15
Ala Tyr Gln Ala Gly Gly Pro Gly Pro Phe Met His Gly Ala Gly Ala			

20	25	30
Ala Ser Ser Pro Val Tyr Leu Pro Thr Pro Arg Val Pro Ser Ser Val		
35	40	45
Leu Gly Leu Ser Tyr Leu Gln Gly Gly Gly Ala Gly Ser Ala Ser Gly		
50	55	60
Gly Pro Ser Gly Gly Ser Pro Gly Gly Ala Ala Ser Gly Ala Gly Pro		
65	70	75
Gly Thr Gln Gln Gly Ser Pro Gly Trp Ser Gln Ala Gly Ala Thr Gly		
85	90	95
Ala Ala Tyr Thr Pro Pro Pro Val Ser Pro Arg Phe Ser Phe Pro Gly		
100	105	110
Thr Thr Gly Ser Leu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Arg Glu		
115	120	125
Ala Ala Ala Tyr Ser Ser Gly Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly Leu Ala		
130	135	140
Gly Arg Glu Gln Tyr Gly Arg Ala Gly Phe Ala Gly Ser Tyr Ser Ser		
145	150	155
160		
Pro Tyr Pro Ala Tyr Met Ala Asp Val Gly Ala Ser Trp Ala Ala Ala		
165	170	175
Ala Ala Ala Ser Ala Gly Pro Phe Asp Ser Pro Val Leu His Ser Leu		
180	185	190
Pro Gly Arg Ala Asn Pro Ala Ala Arg His Pro Asn Leu Asp Met Phe		
195	200	205
Asp Asp Phe Ser Glu Gly Arg Glu Cys Val Asn Cys Gly Ala Met Ser		
210	215	220
Thr Pro Leu Trp Arg Arg Asp Gly Thr Gly His Tyr Leu Cys Asn Ala		

225 230 235 240
Cys Gly Leu Tyr His Lys Met Asn Gly Ile Asn Arg Pro Leu Ile Lys
245 250 255
Pro Gln Arg Arg Leu Ser Ala Ser Arg Arg Val Gly Leu Ser Cys Ala
260 265 270
Asn Cys Gln Thr Thr Thr Thr Leu Trp Arg Arg Asn Ala Glu Gly
275 280 285
Glu Pro Val Cys Asn Ala Cys Gly Leu Tyr Met Lys Leu His Gly Val
290 295 300
Pro Arg Pro Leu Ala Met Arg Lys Glu Gly Ile Gln Thr Arg Lys Arg
305 310 315 320
Lys Pro Lys Asn Leu Asn Lys Ser Lys Thr Pro Ala Ala Pro Ser Gly
325 330 335
Ser Glu Ser Leu Pro Pro Ala Ser Gly Ala Ser Ser Asn Ser Ser Asn
340 345 350
Ala Thr Thr Ser Ser Glu Glu Met Arg Pro Ile Lys Thr Glu Pro
355 360 365
Gly Leu Ser Ser His Tyr Gly His Ser Ser Ser Val Ser Gln Thr Phe
370 375 380
Ser Val Ser Ala Met Ser Gly His Gly Pro Ser Ile His Pro Val Leu
385 390 395 400
Ser Ala Leu Lys Leu Ser Pro Gln Gly Tyr Ala Ser Pro Val Ser Gln
405 410 415
Ser Pro Gln Thr Ser Ser Lys Gln Asp Ser Trp Asn Ser Leu Val Leu
420 425 430
Ala Asp Ser His Gly Asp Ile Ile Thr Ala

435

440

<210> 12

<211> 1326

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1329)

<400> 12

atg tat cag agc ttg gcc atg gcc gcc aac cac ggg ccg ccc ccc ggt 48

Met Tyr Gln Ser Leu Ala Met Ala Ala Asn His Gly Pro Pro Pro Gly

1

5

10

15

gcc tac cag gcg ggc ggc ccc ggc ccc ttc atg cac ggc gcg ggc gcc 96

Ala Tyr Gln Ala Gly Gly Pro Gly Pro Phe Met His Gly Ala Gly Ala

20

25

30

gcg tcc tcg cca gtc tac ctg ccc aca ccg cggtt ccc tcc tcc gtt 144

Ala Ser Ser Pro Val Tyr Leu Pro Thr Pro Arg Val Pro Ser Ser Val

35

40

45

ctg ggc ctg tcc tac ctc cag ggc gga ggc gcg ggc tct gcg tcc gga 192

Leu Gly Leu Ser Tyr Leu Gln Gly Gly Gly Ala Gly Ser Ala Ser Gly

50

55

60

ggc ccc tcg ggc ggc agc ccc ggt ggg gcc gcg tct ggt gcg ggg ccc 240

Gly Pro Ser Gly Gly Ser Pro Gly Gly Ala Ala Ser Gly Ala Gly Pro

65

70

75

80

ggg acc cag cag ggc agc ccg gga tgg agc cag gcg gga gcg acc gga 288

Gly Thr Gln Gln Gly Ser Pro Gly Trp Ser Gln Ala Gly Ala Thr Gly

85	90	95	
gcc gct tac acc ccg ccg gtg tcg ccg cgc ttc tcc ttc ccg ggg			336
Ala Ala Tyr Thr Pro Pro Pro Val Ser Pro Arg Phe Ser Phe Pro Gly			
100	105	110	
acc acc ggg tcc ctg gcg gcg gcg gct gcc gcc cgaa			384
Thr Thr Gly Ser Leu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Arg Glu			
115	120	125	
gct gcg gcc tac agc agt ggc ggc gga gcg gcg ggt gcg ggc ctg gcg			432
Ala Ala Ala Tyr Ser Ser Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly Leu Ala			
130	135	140	
ggc cgc gag cag tac ggg cgc gcc ggc ttc gcg ggc tcc tac tcc agc			480
Gly Arg Glu Gln Tyr Gly Arg Ala Gly Phe Ala Gly Ser Tyr Ser Ser			
145	150	155	160
ccc tac ccg gct tac atg gcc gac gtg ggc gcg tcc tgg gcc gca gcc			528
Pro Tyr Pro Ala Tyr Met Ala Asp Val Gly Ala Ser Trp Ala Ala Ala			
165	170	175	
gcc gcc gcc tcc gcc ggc ccc ttc gac agc ccg gtc ctg cac agc ctg			576
Ala Ala Ala Ser Ala Gly Pro Phe Asp Ser Pro Val Leu His Ser Leu			
180	185	190	
ccc ggc cgg gcc aac ccg gcc gcc cga cac ccc aat ctc gat atg ttt			624
Pro Gly Arg Ala Asn Pro Ala Ala Arg His Pro Asn Leu Asp Met Phe			
195	200	205	
gac gac ttc tca gaa ggc aga gag tgt gtc aac tgt ggg gct atg tcc			672
Asp Asp Phe Ser Glu Gly Arg Glu Cys Val Asn Cys Gly Ala Met Ser			
210	215	220	
acc ccg ctc tgg agg cga gat ggg acg ggt cac tat ctg tgc aac gcc			720

Thr Pro Leu Trp Arg Arg Asp Gly Thr Gly His Tyr Leu Cys Asn Ala
 225 230 235 240
 tgt ggc ctc tac cac aag atg aac ggc atc aac cgg ccg ctc atc aag 768
 Cys Gly Leu Tyr His Lys Met Asn Gly Ile Asn Arg Pro Leu Ile Lys
 245 250 255
 cct cag cgc cgg ctg tcc gcc tcc cgc cga gtg ggc ctc tcc tgt gcc 816
 Pro Gln Arg Arg Leu Ser Ala Ser Arg Arg Val Gly Leu Ser Cys Ala
 260 265 270
 aac tgc cag acc acc acc acg ctg tgg cgc cgc aat gcg gag ggc 864
 Asn Cys Gln Thr Thr Thr Thr Leu Trp Arg Arg Asn Ala Glu Gly
 275 280 285
 gag cct gtg tgc aat gcc tgc ggc ctc tac atg aag ctc cac ggg gtg 912
 Glu Pro Val Cys Asn Ala Cys Gly Leu Tyr Met Lys Leu His Gly Val
 290 295 300
 ccc agg cct ctt gca atg cgg aaa gag ggg atc caa acc aga aaa cgg 960
 Pro Arg Pro Leu Ala Met Arg Lys Glu Gly Ile Gln Thr Arg Lys Arg
 305 310 315 320
 aag ccc aag aac ctg aat aaa tct aag aca cca gca gct cct tca ggc 1008
 Lys Pro Lys Asn Leu Asn Lys Ser Lys Thr Pro Ala Ala Pro Ser Gly
 325 330 335
 agt gag agc ctt cct ccc gcc agc ggt gct tcc agc aac tcc agc aac 1056
 Ser Glu Ser Leu Pro Pro Ala Ser Gly Ala Ser Ser Asn Ser Asn
 340 345 350
 gcc acc acc agc agc agc gag gag atg cgt ccc atc aag acg gag cct 1104
 Ala Thr Thr Ser Ser Ser Glu Glu Met Arg Pro Ile Lys Thr Glu Pro
 355 360 365

ggc ctg tca tct cac tac ggg cac agc agc tcc gtg tcc cag acg ttc			1152
Gly Leu Ser Ser His Tyr Gly His Ser Ser Ser Val Ser Gln Thr Phe			
370	375	380	
tca gtc agt gcg atg tct ggc cat ggg ccc tcc atc cac cct gtc ctc			1200
Ser Val Ser Ala Met Ser Gly His Gly Pro Ser Ile His Pro Val Leu			
385	390	395 /	400
tcg gcc ctg aag ctc tcc cca caa ggc tat gcg tct ccc gtc agc cag			1248
Ser Ala Leu Lys Leu Ser Pro Gln Gly Tyr Ala Ser Pro Val Ser Gln			
405	410	415	
tct cca cag acc agc tcc aag cag gac tct tgg aac agt ctg gtc ttg			1296
Ser Pro Gln Thr Ser Ser Lys Gln Asp Ser Trp Asn Ser Leu Val Leu			
420	425	430	
gcc gac agt cac ggg gac ata atc act gcg			1326
Ala Asp Ser His Gly Asp Ile Ile Thr Ala			
435	440		
<210> 13			
<211> 507			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 13			
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Thr Arg Ile Met Asp Glu Arg Asn			
1	5	10	15
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala			
20	25	30	
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Phe			
35	40	45	

Asn Ser Ser Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys
50 55 60

Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Asn Glu Pro His Glu Ser Arg Thr
65 70 75 80

Asn Ser Asp Ile Val Glu Ala Leu Asn Lys Lys Glu His Arg Gly Cys
85 90 95

Asp Ser Pro Asp Pro Asp Thr Ser Tyr Val Leu Thr Pro His Thr Glu
100 105 110

Glu Lys Tyr Lys Lys Ile Asn Glu Glu Phe Asp Asn Met Met Arg Asn
115 120 125

His Lys Ile Ala Pro Gly Leu Pro Pro Gln Asn Phe Ser Met Ser Val
130 135 140

Thr Val Pro Val Thr Ser Pro Asn Ala Leu Ser Tyr Thr Asn Pro Gly
145 150 155 160

Ser Ser Leu Val Ser Pro Ser Leu Ala Ala Ser Ser Thr Leu Thr Asp
165 170 175

Ser Ser Met Leu Ser Pro Pro Gln Thr Thr Leu His Arg Asn Val Ser
180 185 190

Pro Gly Ala Pro Gln Arg Pro Pro Ser Thr Gly Asn Ala Gly Gly Met
195 200 205

Leu Ser Thr Thr Asp Leu Thr Val Pro Asn Gly Ala Gly Ser Ser Pro
210 215 220

Val Gly Asn Gly Phe Val Asn Ser Arg Ala Ser Pro Asn Leu Ile Gly
225 230 235 240

Ala Thr Gly Ala Asn Ser Leu Gly Lys Val Met Pro Thr Lys Ser Pro
245 250 255

Pro Pro Pro Gly Gly Asn Leu Gly Met Asn Ser Arg Lys Pro Asp
260 265 270

Leu Arg Val Val Ile Pro Pro Ser Ser Lys Gly Met Met Pro Pro Leu
275 280 285

Ser Glu Glu Glu Leu Glu Leu Asn Thr Gln Arg Ile Ser Ser Ser
290 295 300

Gln Ala Thr Gln Pro Leu Ala Thr Pro Val Val Ser Val Thr Thr Pro
305 310 315 320

Ser Leu Pro Pro Gln Gly Leu Val Tyr Ser Ala Met Pro Thr Ala Tyr
325 330 335

Asn Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ser Ala Asp Leu Ser Ala Leu Gln Gly
340 345 350

Phe Asn Ser Pro Gly Met Leu Ser Leu Gly Gln Val Ser Ala Trp Gln
355 360 365

Gln His His Leu Gly Gln Ala Ala Leu Ser Ser Leu Val Ala Gly Gly
370 375 380

Gln Leu Ser Gln Gly Ser Asn Leu Ser Ile Asn Thr Asn Gln Asn Ile
385 390 395 400

Ser Ile Lys Ser Glu Pro Ile Ser Pro Pro Arg Asp Arg Met Thr Pro
405 410 415

Ser Gly Phe Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Pro Pro
420 425 430

Pro Pro Pro Gln Pro Gln Pro Gln Pro Pro Gln Pro Gln Pro Arg Gln
435 440 445

Glu Met Gly Arg Ser Pro Val Asp Ser Leu Ser Ser Ser Ser Ser
450 455 460

Tyr Asp Gly Ser Asp Arg Glu Asp Pro Arg Gly Asp Phe His Ser Pro
465 470 475 480

Ile Val Leu Gly Arg Pro Pro Asn Thr Glu Asp Arg Glu Ser Pro Ser
485 490 495

Val Lys Arg Met Arg Met Asp Ala Trp Val Thr
500 505 /

<210> 14

<211> 1521

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1524)

<400> 14

atg ggg cgg aag aaa ata caa atc aca cgc ata atg gat gaa agg aac 48

Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Thr Arg Ile Met Asp Glu Arg Asn

1 5 10 15

cga cag gtc act ttt aca aag aga aag ttt gga tta atg aag aaa gcc 96

Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala

20 25 30

tat gaa ctt agt gtg ctc tgt gac tgt gaa ata gca ctc atc att ttc 144

Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Ile Phe

35 40 45

aac agc tct aac aaa ctg ttt caa tat gct agc act gat atg gac aaa 192

Asn Ser Ser Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys

50 55 60

gtt	ctt	ctc	aag	tat	aca	gaa	tat	aat	gaa	cct	cat	gaa	agc	aga	acc	240
Val	Leu	Leu	Lys	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Asn	Glu	Pro	His	Glu	Ser	Arg	Thr	
65															80	
aac	tcg	gat	att	gtt	gag	gct	ctg	aac	aag	aag	gaa	cac	aga	ggg	tgc	288
Asn	Ser	Asp	Ile	Val	Glu	Ala	Leu	Asn	Lys	Lys	Glu	His	Arg	Gly	Cys	
															95	
gac	agc	cca	gac	cct	gat	act	tca	tat	gtg	cta	act	cca	cat	aca	gaa	336
Asp	Ser	Pro	Asp	Pro	Asp	Thr	Ser	Tyr	Val	Leu	Thr	Pro	His	Thr	Glu	
															100	
															105	
															110	
gaa	aaa	tat	aaa	aaa	att	aat	gag	gaa	ttt	gat	aat	atg	atg	cgg	aat	384
Glu	Lys	Tyr	Lys	Lys	Ile	Asn	Glu	Glu	Phe	Asp	Asn	Met	Met	Arg	Asn	
															115	
															120	
															125	
cat	aaa	atc	gca	cct	ggt	ctg	cca	cct	cag	aac	ttt	tca	atg	tct	gtc	432
His	Lys	Ile	Ala	Pro	Gly	Leu	Pro	Pro	Gln	Asn	Phe	Ser	Met	Ser	Val	
															130	
															135	
															140	
aca	gtt	cca	gtg	acc	agc	ccc	aat	gct	ttg	tcc	tac	act	aac	cca	ggg	480
Thr	Val	Pro	Val	Thr	Ser	Pro	Asn	Ala	Leu	Ser	Tyr	Thr	Asn	Pro	Gly	
															145	
															150	
															155	
															160	
agt	tca	ctg	gtg	tcc	cca	tct	ttg	gca	gcc	agc	tca	acg	tta	aca	gat	528
Ser	Ser	Leu	Val	Ser	Pro	Ser	Leu	Ala	Ala	Ser	Ser	Thr	Leu	Thr	Asp	
															165	
															170	
															175	
tca	agc	atg	ctc	tct	cca	cct	caa	acc	aca	tta	cat	aga	aat	gtg	tct	576
Ser	Ser	Met	Leu	Ser	Pro	Pro	Gln	Thr	Thr	Leu	His	Arg	Asn	Val	Ser	
															180	
															185	
															190	
cct	gga	gct	cct	cag	aga	cca	cca	agt	act	ggc	aat	gca	ggt	ggg	atg	624
Pro	Gly	Ala	Pro	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Thr	Gly	Asn	Ala	Gly	Gly	Met	

195	200	205														
ttg	act	aca	672													
Leu	Ser	Thr	Thr	Asp	Leu	Thr	Val	Pro	Asn	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Pro	
210	215	220														
gtg	ggg	aat	gga	ttt	gta	aac	tca	aga	gct	tct	cca	aat	ttg	att	gga	720
Val	Gly	Asn	Gly	Phe	Val	Asn	/Ser	Arg	Ala	Ser	Pro	Asn	Leu	Ile	Gly	
225	230	235	240													
gct	act	ggt	gca	aat	agc	tta	ggc	aaa	gtc	atg	cct	aca	aag	tct	ccc	768
Ala	Thr	Gly	Ala	Asn	Ser	Leu	Gly	Lys	Val	Met	Pro	Thr	Lys	Ser	Pro	
245	250	255														
cct	cca	cca	ggt	ggt	aat	ctt	gga	atg	aac	agt	agg	aaa	cca	gat	816	
Pro	Pro	Pro	Gly	Gly	Asn	Leu	Gly	Met	Asn	Ser	Arg	Lys	Pro	Asp		
260	265	270														
ctt	cga	gtt	gtc	atc	ccc	cct	tca	agc	aag	ggc	atg	atg	cct	cca	cta	864
Leu	Arg	Val	Val	Ile	Pro	Pro	Ser	Ser	Lys	Gly	Met	Met	Pro	Pro	Leu	
275	280	285														
tcg	gag	gaa	gag	gaa	ttg	gag	ttg	aac	acc	caa	agg	atc	agt	agt	tct	912
Ser	Glu	Glu	Glu	Leu	Glu	Leu	Asn	Thr	Gln	Arg	Ile	Ser	Ser	Ser		
290	295	300														
caa	gcc	act	caa	cct	ctt	gct	acc	cca	gtc	gtg	tct	gtg	aca	acc	cca	960
Gln	Ala	Thr	Gln	Pro	Leu	Ala	Thr	Pro	Val	Val	Ser	Val	Thr	Thr	Pro	
305	310	315	320													
agc	ttg	cct	ccg	caa	gga	ctt	gtg	tac	tca	gca	atg	ccg	act	gcc	tac	1008
Ser	Leu	Pro	Pro	Gln	Gly	Leu	Val	Tyr	Ser	Ala	Met	Pro	Thr	Ala	Tyr	
325	330	335														
aac	act	gat	tat	tca	ctg	acc	agc	gct	gac	ctg	tca	gcc	ctt	caa	ggc	1056

Asn Thr Asp Tyr Ser Leu Thr Ser Ala Asp Leu Ser Ala Leu Gln Gly			
340	345	350	
ttc aac tcg cca gga atg ctg tcg ctg gga cag gtg tcg gcc tgg cag			1104
Phe Asn Ser Pro Gly Met Leu Ser Leu Gly Gln Val Ser Ala Trp Gln			
355	360	365	
cag cac cac cta gga caa gca gcc ctc agc tct ctt gtt gct gga / ggg			1152
Gln His His Leu Gly Gln Ala Ala Leu Ser Ser Leu Val Ala Gly Gly			
370	375	380	
cag tta tct cag ggt tcc aat tta tcc att aat acc aac caa aac atc			1200
Gln Leu Ser Gln Gly Ser Asn Leu Ser Ile Asn Thr Asn Gln Asn Ile			
385	390	395	400
agc atc aag tcc gaa ccg att tca cct cct cg ^g gat cgt atg acc cca			1248
Ser Ile Lys Ser Glu Pro Ile Ser Pro Pro Arg Asp Arg Met Thr Pro			
405	410	415	
tcg ggc ttc cag cag cag cag cag cag cag cag cag ccg ccg			1296
Ser Gly Phe Gln Pro Pro			
420	425	430	
cca cca ccg cag ccc cag cca caa ccc ccg cag ccc cga cag			1344
Pro Pro Pro Gln Pro Gln Pro Pro Gln Pro Gln Pro Arg Gln			
435	440	445	
gaa atg ggg cgc tcc cct gtg gac agt ctg agc agc tct agt agc tcc			1392
Glu Met Gly Arg Ser Pro Val Asp Ser Leu Ser Ser Ser Ser Ser			
450	455	460	
tat gat ggc agt gat cg ^g gag gat cca cgg ggc gac ttc cat tct cca			1440
Tyr Asp Gly Ser Asp Arg Glu Asp Pro Arg Gly Asp Phe His Ser Pro			
465	470	475	480

att gtg ctt ggc cga ccc cca aac act gag gac aga gaa agc cct tct 1488
 Ile Val Leu Gly Arg Pro Pro Asn Thr Glu Asp Arg Glu Ser Pro Ser
 485 490 495
 gta aag cga atg agg atg gac gcg tgg gtg acc 1521
 Val Lys Arg Met Arg Met Asp Ala Trp Val Thr
 / 500 505
 <210> 15
 <211> 365
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 15
 Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Ser Arg Ile Leu Asp Gln Arg Asn
 1 5 10 15
 Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala
 20 25 30
 Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Ile Phe
 35 40 45
 Asn Ser Ala Asn Arg Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Arg
 50 55 60
 Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Ser Glu Pro His Glu Ser Arg Thr
 65 70 75 80
 Asn Thr Asp Ile Leu Glu Thr Leu Lys Arg Arg Gly Ile Gly Leu Asp
 85 90 95
 Gly Pro Glu Leu Glu Pro Asp Glu Gly Pro Glu Glu Pro Gly Glu Lys
 100 105 110
 Phe Arg Arg Leu Ala Gly Glu Gly Asp Pro Ala Leu Pro Arg Pro

115 120 125

Arg Leu Tyr Pro Ala Ala Pro Ala Met Pro Ser Pro Asp Val Val Tyr
130 135 140

Gly Ala Leu Pro Pro Pro Gly Cys Asp Pro Ser Gly Leu Gly Glu Ala
145 150 155 160

Leu Pro Ala Gln Ser Arg Pro Ser Pro Phe Arg Pro Ala Ala Pro Lys
165 170 175

Ala Gly Pro Pro Gly Leu Val His Pro Leu Phe Ser Pro Ser His Leu
180 185 190

Thr Ser Lys Thr Pro Pro Pro Leu Tyr Leu Pro Thr Glu Gly Arg Arg
195 200 205

Ser Asp Leu Pro Gly Gly Leu Ala Gly Pro Arg Gly Gly Leu Asn Thr
210 215 220

Ser Arg Ser Leu Tyr Ser Gly Leu Gln Asn Pro Cys Ser Thr Ala Thr
225 230 235 240

Pro Gly Pro Pro Leu Gly Ser Phe Pro Phe Leu Pro Gly Gly Pro Pro
245 250 255

Val Gly Ala Glu Ala Trp Ala Arg Arg Val Pro Gln Pro Ala Ala Pro
260 265 270

Pro Arg Arg Pro Pro Gln Ser Ala Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Arg
275 280 285

Pro Pro Gly Ala Pro Ala Thr Phe Leu Arg Pro Ser Pro Ile Pro Cys
290 295 300

Ser Ser Pro Gly Pro Trp Gln Ser Leu Cys Gly Leu Gly Pro Pro Cys
305 310 315 320

Ala Gly Cys Pro Trp Pro Thr Ala Gly Pro Gly Arg Arg Ser Pro Gly

325	330	335	
Gly Thr Ser Pro Glu Arg Ser Pro Gly Thr Ala Arg Ala Arg Gly Asp			
340	345	350	
Pro Thr Ser Leu Gln Ala Ser Ser Glu Lys Thr Gln Gln			
355	360		/
<210> 16			
<211> 1095			
<212> DNA			
<213> Homo sapiens			
<220>			
<221> CDS			
<223> (1)..(1098)			
<400> 16			
atg ggg agg aaa aaa atc cag atc tcc cgc atc ctg gac caa agg aat 48			
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Ser Arg Ile Leu Asp Gln Arg Asn			
1	5	10	15
cg ^g c ^g g ^t g ^c a ^g t ^t c ^c a ^c a ^a g ^g a ^a g ^t t ^c g ^g g ^t a ^t g ^a a ^a g ^a g ^c 96			
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala			
20	25	30	
t ^a t ^g a ^g c ^t g ^t a ^g c ^t t ^c t ^g t ^a g ^g a ^t a ^g g ^c c ^t a ^t c ^t a ^t t ^t 144			
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Phe			
35	40	45	
a ^a c ^g g ^c a ^a c ^g c ^t t ^t c ^a g ^t t ^a g ^g a ^g c ^g a ^c g ^a a ^t g ^g a ^c c ^g t ^t 192			
Asn Ser Ala Asn Arg Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Arg			
50	55	60	
g ^t g ^t c ^t g ^t a ^a g ^a t ^a c ^a g ^a t ^a c ^g g ^a c ^c c ^a g ^a a ^g c ^g c ^a c ^c 240			

Val	Leu	Leu	Lys	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Ser	Glu	Pro	His	Glu	Ser	Arg	Thr	
65					70				75			80				
aac	act	gac	atc	ctc	gag	acg	ctg	aag	cgg	agg	ggc	att	ggc	ctc	gat	288
Asn	Thr	Asp	Ile	Leu	Glu	Thr	Leu	Lys	Arg	Arg	Gly	Ile	Gly	Leu	Asp	
									85			90			95	
ggg	cca	gag	ctg	gag	ccg	gat	gaa	ggg	cct	gag	gag	cca	gga	gag	aag	336
Gly	Pro	Glu	Leu	Glu	Pro	Asp	Glu	Gly	Pro	Glu	Glu	Pro	Gly	Glu	Lys	
									100			105			110	
ttt	cgg	agg	ctg	gca	ggc	gaa	ggg	ggt	gat	ccg	gcc	ttg	ccc	cga	ccc	384
Phe	Arg	Arg	Leu	Ala	Gly	Glu	Gly	Gly	Asp	Pro	Ala	Leu	Pro	Arg	Pro	
									115			120			125	
cg	tg	tat	cct	gca	gct	cct	gct	atg	ccc	agc	cca	gat	gtg	gta	tac	432
Arg	Leu	Tyr	Pro	Ala	Ala	Pro	Ala	Met	Pro	Ser	Pro	Asp	Val	Val	Tyr	
									130			135			140	
ggg	gcc	tta	ccg	cca	cca	ggc	tgt	gac	ccc	agt	ggg	ctt	ggg	gaa	gca	480
Gly	Ala	Leu	Pro	Pro	Pro	Gly	Cys	Asp	Pro	Ser	Gly	Leu	Gly	Glu	Ala	
									145			150			155	
ctg	ccc	gcc	cag	agc	cgc	cca	tct	ccc	ttc	cga	cca	gca	gcc	ccc	aaa	528
Leu	Pro	Ala	Gln	Ser	Arg	Pro	Ser	Pro	Phe	Arg	Pro	Ala	Ala	Pro	Lys	
									165			170			175	
gcc	ggg	ccc	cca	ggc	ctg	gtg	cac	cct	ctc	ttc	tca	cca	agc	cac	ctc	576
Ala	Gly	Pro	Pro	Gly	Leu	Val	His	Pro	Leu	Phe	Ser	Pro	Ser	His	Leu	
acc	agc	aag	aca	cca	ccc	cca	ctg	tac	ctg	ccg	acg	gaa	ggg	cgg	agg	624
Thr	Ser	Lys	Thr	Pro	Pro	Leu	Tyr	Leu	Pro	Thr	Glu	Gly	Arg	Arg		
195									200						205	

tca gac ctg cct ggt ggc ctg gct ggg ccc cga ggg gga cta aac acc 672
Ser Asp Leu Pro Gly Gly Leu Ala Gly Pro Arg Gly Gly Leu Asn Thr
210 215 220

tcc aga agc ctc tac agt ggc ctg cag aac ccc tgc tcc act gca act 720
Ser Arg Ser Leu Tyr Ser Gly Leu Gln Asn Pro Cys Ser Thr Ala Thr
225 230 235 240

ccc gga ccc cca ctg ggg agc ttc ccc ttc ctc ccc gga ggc ccc cca 768
Pro Gly Pro Pro Leu Gly Ser Phe Pro Phe Leu Pro Gly Gly Pro Pro
245 250 255

gtg ggg gcc gaa gcc tgg gcg agg agg gtc ccc caa ccc gcg gcg cct 816
Val Gly Ala Glu Ala Trp Ala Arg Arg Val Pro Gln Pro Ala Ala Pro
260 265 270

ccc cgc cga ccc ccc cag tca gca tca agt ctg agc gcc tct ctc cgg 864
Pro Arg Arg Pro Pro Gln Ser Ala Ser Ser Leu Ser Ala Ser Leu Arg
275 280 285

ccc ccg ggg gcc ccg gcg act ttc cta aga cct ctc cct atc cct tgc 912
Pro Pro Gly Ala Pro Ala Thr Phe Leu Arg Pro Ser Pro Ile Pro Cys
290 295 300

tcc tcg ccc ggt ccc tgg cag agc ctc tgc ggc ctg ggc ccg ccc tgc 960
Ser Ser Pro Gly Pro Trp Gln Ser Leu Cys Gly Leu Gly Pro Pro Cys
305 310 315 320

gcc ggc tgc cct tgg ccg acg gct ggc ccc ggt agg aga tca ccc ggt 1008
Ala Gly Cys Pro Trp Pro Thr Ala Gly Pro Gly Arg Arg Ser Pro Gly
325 330 335

ggc acc agc cca gag cgc tcg cca ggt acg gcg agg gca cgt ggg gac 1056
Gly Thr Ser Pro Glu Arg Ser Pro Gly Thr Ala Arg Ala Arg Gly Asp

ccc acc tcc ctc cag gcc tct tca gag aag acc caa cag	340	345	350
Pro Thr Ser Leu Gln Ala Ser Ser Glu Lys Thr Gln Gln			1095
	355	360	365
<210> 17			
<211> 465			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 17			
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Thr Arg Ile Met Asp Glu Arg Asn			
1	5	10	15
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala			
20	25	30	
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Ile Phe			
35	40	45	
Asn Ser Thr Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys			
50	55	60	
Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Asn Glu Pro His Glu Ser Arg Thr			
65	70	75	80
Asn Ser Asp Ile Val Glu Thr Leu Arg Lys Lys Gly Leu Asn Gly Cys			
85	90	95	
Asp Ser Pro Asp Pro Asp Ala Asp Asp Ser Val Gly His Ser Pro Glu			
100	105	110	
Ser Glu Asp Lys Tyr Arg Lys Ile Asn Glu Asp Ile Asp Leu Met Ile			
115	120	125	
Ser Arg Gln Arg Leu Cys Ala Val Pro Pro Pro Asn Phe Glu Met Pro			

130 135 140
Val Ser Ile Pro Val Ser Ser His Asn Ser Leu Val Tyr Ser Asn Pro
145 150 155 160
Val Ser Ser Leu Gly Asn Pro Asn Leu Leu Pro Leu Ala His Pro Ser
165 170 175
Leu Gln Arg Asn Ser Met Ser Pro Gly Val Thr His Arg Pro Pro Ser
180 185 190
Ala Gly Asn Thr Gly Gly Leu Met Gly Gly Asp Leu Thr Ser Gly Ala
195 200 205
Gly Thr Ser Ala Gly Asn Gly Tyr Gly Asn Pro Arg Asn Ser Pro Gly
210 215 220
Leu Leu Val Ser Pro Gly Asn Leu Asn Lys Asn Met Gln Ala Lys Ser
225 230 235 240
Pro Pro Pro Met Asn Leu Gly Met Asn Asn Arg Lys Pro Asp Leu Arg
245 250 255
Val Leu Ile Pro Pro Gly Ser Lys Asn Thr Met Pro Ser Val Asn Gln
260 265 270
Arg Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ala Gln Ser Leu Ala Thr Pro Val Val
275 280 285
Ser Val Ala Thr Pro Thr Leu Pro Gly Gln Gly Met Gly Gly Tyr Pro
290 295 300
Ser Ala Ile Ser Thr Thr Tyr Gly Thr Glu Tyr Ser Leu Ser Ser Ala
305 310 315 320
Asp Leu Ser Ser Leu Ser Gly Phe Asn Thr Ala Ser Ala Leu His Leu
325 330 335
Gly Ser Val Thr Gly Trp Gln Gln Gln His Leu His Asn Met Pro Pro

340 345 350

Ser Ala Leu Ser Gln Leu Gly Ala Cys Thr Ser Thr His Leu Ser Gln
355 360 365

Ser Ser Asn Leu Ser Leu Pro Ser Thr Gln Ser Leu Asn Ile Lys Ser
370 375 380

Glu Pro Val Ser Pro Pro Arg Asp Arg Thr Thr Thr Pro Ser Arg Tyr
385 390 395 400

Pro Gln His Thr Arg His Glu Ala Gly Arg Ser Pro Val Asp Ser Leu
405 410 415

Ser Ser Cys Ser Ser Tyr Asp Gly Ser Asp Arg Glu Asp His Arg
420 425 430

Asn Glu Phe His Ser Pro Ile Gly Leu Thr Arg Pro Ser Pro Asp Glu
435 440 445

Arg Glu Ser Pro Ser Val Lys Arg Met Arg Leu Ser Glu Gly Trp Ala
450 455 460

Thr

<210> 18

<211> 1395

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1398)

<400> 18

atg ggg aga aaa aag att cag att acg agg att atg gat gaa cgt aac 48
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Thr Arg Ile Met Asp Glu Arg Asn

1	5	10	15	
aga cag gtg aca ttt aca aag agg aaa ttt ggg ttg atg aag aag gct				96
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala				
20	25	30		
tat gag ctg agc gtg ctg tgt gac tgt gag att gcg ctg atc atc ttc				144
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Phe				
35	40	45		
aac agc acc aac aag ctg ttc cag tat gcc agc acc gac atg gac aaa				192
Asn Ser Thr Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys				
50	55	60		
gtg ctt ctc aag tac acg gag tac aac gag ccg cat gag agc cgg aca				240
Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Asn Glu Pro His Glu Ser Arg Thr				
65	70	75	80	
aac tca gac atc gtg gag acg ttg aga aag aag ggc ctt aat ggc tgt				288
Asn Ser Asp Ile Val Glu Thr Leu Arg Lys Lys Gly Leu Asn Gly Cys				
85	90	95		
gac agc cca gac ccc gat gcg gac gat tcc gta ggt cac agc cct gag				336
Asp Ser Pro Asp Pro Asp Ala Asp Asp Ser Val Gly His Ser Pro Glu				
100	105	110		
tct gag gac aag tac agg aaa att aac gaa gat att gat cta atg atc				384
Ser Glu Asp Lys Tyr Arg Lys Ile Asn Glu Asp Ile Asp Leu Met Ile				
115	120	125		
agc agg caa aga ttg tgt gct gtt cca cct ccc aac ttc gag atg cca				432
Ser Arg Gln Arg Leu Cys Ala Val Pro Pro Pro Asn Phe Glu Met Pro				
130	135	140		
gtc tcc atc cca gtg tcc agc cac aac agt ttg gtg tac agc aac cct				480

Val Ser Ile Pro Val Ser Ser His Asn Ser Leu Val Tyr Ser Asn Pro
145 150 155 160
gtc agc tca ctg gga aac ccc aac cta ttg cca ctg gct cac cct tct 528
Val Ser Ser Leu Gly Asn Pro Asn Leu Leu Pro Leu Ala His Pro Ser
165 170 175
ctg cag agg aat agt atg tct cct ggt gta aca cat cga cct cca agt 576
Leu Gln Arg Asn Ser Met Ser Pro Gly Val Thr His Arg Pro Pro Ser
180 185 190
gca ggt aac aca ggt ggt ctg atg ggt gga gac ctc acg tct ggt gca 624
Ala Gly Asn Thr Gly Gly Leu Met Gly Gly Asp Leu Thr Ser Gly Ala
195 200 205
ggc acc agt gca ggg aac ggg tat ggc aat ccc cga aac tca cca ggt 672
Gly Thr Ser Ala Gly Asn Gly Tyr Gly Asn Pro Arg Asn Ser Pro Gly
210 215 220
ctg ctg gtc tca cct ggt aac ttg aac aag aat atg caa gca aaa tct 720
Leu Leu Val Ser Pro Gly Asn Leu Asn Lys Asn Met Gln Ala Lys Ser
225 230 235 240
cct ccc cca atg aat tta gga atg aat aac cgt aaa cca gat ctc cga 768
Pro Pro Pro Met Asn Leu Gly Met Asn Asn Arg Lys Pro Asp Leu Arg
245 250 255
gtt ctt att cca cca ggc agc aag aat acg atg cca tca gtg aat caa 816
Val Leu Ile Pro Pro Gly Ser Lys Asn Thr Met Pro Ser Val Asn Gln
260 265 270
agg ata aat aac tcc cag tcg gct cag tca ttg gct acc cca gtg gtt 864
Arg Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ala Gln Ser Leu Ala Thr Pro Val Val
275 280 285

tcc gta gca act cct act tta cca gga caa gga atg gga gga tat cca	912		
Ser Val Ala Thr Pro Thr Leu Pro Gly Gln Gly Met Gly Gly Tyr Pro			
290	295	300	
tca gcc att tca aca aca tat ggt acc gag tac tct ctg agt agt gca	960		
Ser Ala Ile Ser Thr Thr Tyr Gly Thr Glu Tyr Ser Leu Ser Ser Ala			
305	310	315	320
gac ctg tca tct ctg tct ggg ttt aac acc gcc agc gct ctt cac ctt	1008		
Asp Leu Ser Ser Leu Ser Gly Phe Asn Thr Ala Ser Ala Leu His Leu			
325	330	335	
ggt tca gta act ggc tgg caa cag caa cac cta cat aac atg cca cca	1056		
Gly Ser Val Thr Gly Trp Gln Gln Gln His Leu His Asn Met Pro Pro			
340	345	350	
tct gcc ctc agt cag ttg gga gct tgc act agc act cat tta tct cag	1104		
Ser Ala Leu Ser Gln Leu Gly Ala Cys Thr Ser Thr His Leu Ser Gln			
355	360	365	
agt tca aat ctc tcc ctg cct tct act caa agc ctc aac atc aag tca	1152		
Ser Ser Asn Leu Ser Leu Pro Ser Thr Gln Ser Leu Asn Ile Lys Ser			
370	375	380	
gaa cct gtt tct cct cct aga gac cgt acc acc acc cct tcg aga tac	1200		
Glu Pro Val Ser Pro Pro Arg Asp Arg Thr Thr Thr Pro Ser Arg Tyr			
385	390	395	400
cca caa cac acg cgc cac gag gcg ggg aga tct cct gtt gac agc ttg	1248		
Pro Gln His Thr Arg His Glu Ala Gly Arg Ser Pro Val Asp Ser Leu			
405	410	415	
agc agc tgt agc agt tcg tac gac ggg agc gac cga gag gat cac cgg	1296		
Ser Ser Cys Ser Ser Ser Tyr Asp Gly Ser Asp Arg Glu Asp His Arg			

420	425	430	
aac gaa ttc cac tcc ccc att gga ctc acc aga cct tcg ccg gac gaa			1344
Asn Glu Phe His Ser Pro Ile Gly Leu Thr Arg Pro Ser Pro Asp Glu			
435	440	445	
agg gaa agt ccc tca gtc aag cgc atg cga ctt tct gaa gga tgg gca			1392
Arg Glu Ser Pro Ser Val Lys Arg Met Arg Leu Ser Glu Gly Trp Ala			
450	455	460	
aca			1395
Thr			
465			
<210> 19			
<211> 521			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 19			
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Gln Arg Ile Thr Asp Glu Arg Asn			
1	5	10	15
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Lys Ala			
20	25	30	
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Ile Phe			
35	40	45	
Asn His Ser Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys			
50	55	60	
Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Asn Glu Pro His Glu Ser Arg Thr			
65	70	75	80
Asn Ala Asp Ile Ile Glu Thr Leu Arg Lys Lys Gly Phe Asn Gly Cys			

85 90 95

Asp Ser Pro Glu Pro Asp Gly Glu Asp Ser Leu Glu Gln Ser Pro Leu
100 105 110

Leu Glu Asp Lys Tyr Arg Arg Ala Ser Glu Glu Leu Asp Gly Leu Phe
115 120 125

Arg Arg Tyr Gly Ser Thr Val Pro Ala Pro Asn Phe Ala Met Pro Val
130 135 140

Thr Val Pro Val Ser Asn Gln Ser Ser Leu Gln Phe Ser Asn Pro Ser
145 150 155 160

Gly Ser Leu Val Thr Pro Ser Leu Val Thr Ser Ser Leu Thr Asp Pro
165 170 175

Arg Leu Leu Ser Pro Gln Gln Pro Ala Leu Gln Arg Asn Ser Val Ser
180 185 190

Pro Gly Leu Pro Gln Arg Pro Ala Ser Ala Gly Ala Met Leu Gly Gly
195 200 205

Asp Leu Asn Ser Ala Asn Gly Ala Cys Pro Ser Pro Val Gly Asn Gly
210 215 220

Tyr Val Ser Ala Arg Ala Ser Pro Gly Leu Leu Pro Val Ala Asn Gly
225 230 235 240

Asn Ser Leu Asn Lys Val Ile Pro Ala Lys Ser Pro Pro Pro Thr
245 250 255

His Ser Thr Gln Leu Gly Ala Pro Ser Arg Lys Pro Asp Leu Arg Val
260 265 270

Ile Thr Ser Gln Ala Gly Lys Gly Leu Met His His Leu Thr Glu Asp
275 280 285

His Leu Asp Leu Asn Asn Ala Gln Arg Leu Gly Val Ser Gln Ser Thr

290 295 300
His Ser Leu Thr Thr Pro Val Val Ser Val Ala Thr Pro Ser Leu Leu
305 310 315 320
Ser Gln Gly Leu Pro Phe Ser Ser Met Pro Thr Ala Tyr Asn Thr Asp
325 330 335
Tyr Gln Leu Thr Ser Ala Glu Leu Ser Ser Leu Pro Ala Phe Ser Ser
340 345 350
Pro Gly Gly Leu Ser Leu Gly Asn Val Thr Ala Trp Gln Gln Pro Gln
355 360 365
Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro Gln Pro Pro Gln Gln Gln Pro Pro
370 375 380
Gln Pro Gln Gln Pro Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro
385 390 395 400
Pro Gln Gln Gln Ser His Leu Val Pro Val Ser Leu Ser Asn Leu Ile
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Leu Pro His Val Gly Ala Ala Leu Thr Val Thr Thr
420 425 430
His Pro His Ile Ser Ile Lys Ser Glu Pro Val Ser Pro Ser Arg Glu
435 440 445
Arg Ser Pro Ala Pro Pro Pro Ala Val Phe Pro Ala Ala Arg Pro
450 455 460
Glu Pro Gly Asp Gly Leu Ser Ser Pro Ala Gly Gly Ser Tyr Glu Thr
465 470 475 480
Gly Asp Arg Asp Asp Gly Arg Gly Asp Phe Gly Pro Thr Leu Gly Leu
485 490 495
Leu Arg Pro Ala Pro Glu Pro Glu Ala Glu Gly Ser Ala Val Lys Arg

500	505	510	
Met Arg Leu Asp Thr Trp Thr Leu Lys			
515	520		
<210> 20			
<211> 1563			
<212> DNA			
<213> Homo sapiens			
<220>			
<221> CDS			
<223> (1)..(1566)			
<400> 20			
atg ggg agg aaa aag att cag atc cag cga atc acc gac gag cg ^g aac 48			
Met Gly Arg Lys Lys Ile Gln Ile Gln Arg Ile Thr Asp Glu Arg Asn			
1	5	10	15
cga cag gtg act ttc acc aag cg ^g aag ttt ggc ctg atg aag aag gc ^g 96			
Arg Gln Val Thr Phe Thr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Met Lys Ala			
20	25	30	
tat gag ctg agc gtg cta tgt gac tgc gag atc gca ctc atc atc ttc 144			
Tyr Glu Leu Ser Val Leu Cys Asp Cys Glu Ile Ala Leu Ile Ile Phe			
35	40	45	
aac cac tcc aac aag ctg ttc cag tac gcc agc acc gac atg gac aag 192			
Asn His Ser Asn Lys Leu Phe Gln Tyr Ala Ser Thr Asp Met Asp Lys			
50	55	60	
gtg ctg ctc aag tac acg gag tac aat gag cca cac gag agc cgc acc 240			
Val Leu Leu Lys Tyr Thr Glu Tyr Asn Glu Pro His Glu Ser Arg Thr			
65	70	75	80

aac gcc gac atc atc gag acc ctg agg aag ggc ttc aat ggc tgc			288
Asn Ala Asp Ile Ile Glu Thr Leu Arg Lys Lys Gly Phe Asn Gly Cys			
85	90	95	
gac agc ccc gag ccc gac ggg gag gac tcg ctg gaa cag agc ccc ctg			336
Asp Ser Pro Glu Pro Asp Gly Glu Asp Ser Leu Glu Gln Ser Pro Leu			
100	105	/	110
ctg gag gac aag tac cga cgc gcc agc gag gag ctc gac ggg ctc ttc			384
Leu Glu Asp Lys Tyr Arg Arg Ala Ser Glu Glu Leu Asp Gly Leu Phe			
115	120		125
cgg cgc tat ggg tca act gtc ccg gcc ccc aac ttt gcc atg cct gtc			432
Arg Arg Tyr Gly Ser Thr Val Pro Ala Pro Asn Phe Ala Met Pro Val			
130	135		140
acg gtg ccc gtg tcc aat cag agc tca ctg cag ttc agc aat ccc agc			480
Thr Val Pro Val Ser Asn Gln Ser Ser Leu Gln Phe Ser Asn Pro Ser			
145	150	155	160
ggc tcc ctg gtc acc cct tcc ctg gtg aca tca tcc ctc acg gac ccg			528
Gly Ser Leu Val Thr Pro Ser Leu Val Thr Ser Ser Leu Thr Asp Pro			
165	170		175
cgg ctc ctg tcc ccc cag cag cca gca cta cag agg aac agt gtg tct			576
Arg Leu Leu Ser Pro Gln Gln Pro Ala Leu Gln Arg Asn Ser Val Ser			
180	185		190
cct ggc ctg ccc cag cgg cca gct agt gcg ggg gcc atg ctg ggg ggt			624
Pro Gly Leu Pro Gln Arg Pro Ala Ser Ala Gly Ala Met Leu Gly Gly			
195	200		205
gac ctg aac agt gct aac gga gcc tgc ccc agc cct gtt ggg aat ggc			672
Asp Leu Asn Ser Ala Asn Gly Ala Cys Pro Ser Pro Val Gly Asn Gly			

210	215	220	
tac gtc agt gct cgg gct tcc cct ggc ctc ctc cct gtg gcc aat ggc			720
Tyr Val Ser Ala Arg Ala Ser Pro Gly Leu Leu Pro Val Ala Asn Gly			
225	230	235	240
aac agc cta aac aag gtc atc cct gcc aag tct ccg ccc cca cct acc			768
Asn Ser Leu Asn Lys Val Ile Pro Ala Lys Ser Pro Pro Pro Thr			
245	250	255	
cac agc acc cag ctt gga gcc ccc agc cgc aag ccc gac ctg cga gtc			816
His Ser Thr Gln Leu Gly Ala Pro Ser Arg Lys Pro Asp Leu Arg Val			
260	265	270	
atc act tcc cag gca gga aag ggg tta atg cat cac ttg act gag gac			864
Ile Thr Ser Gln Ala Gly Lys Gly Leu Met His His Leu Thr Glu Asp			
275	280	285	
cat tta gat ctg aac aat gcc cag cgc ctt ggg gtc tcc cag tct act			912
His Leu Asp Leu Asn Asn Ala Gln Arg Leu Gly Val Ser Gln Ser Thr			
290	295	300	
cat tcg ctc acc acc cca gtg gtt tct gtg gca acg ccg agt tta ctc			960
His Ser Leu Thr Thr Pro Val Val Ser Val Ala Thr Pro Ser Leu Leu			
305	310	315	320
agc cag ggc ctc ccc ttc tct tcc atg ccc act gcc tac aac aca gat			1008
Ser Gln Gly Leu Pro Phe Ser Ser Met Pro Thr Ala Tyr Asn Thr Asp			
325	330	335	
tac cag ttg acc agt gca gag ctc tcc tta cca gcc ttt agt tca			1056
Tyr Gln Leu Thr Ser Ala Glu Leu Ser Ser Leu Pro Ala Phe Ser Ser			
340	345	350	
cct ggg ggg ctg tcg cta ggc aat gtc act gcc tgg caa cag cca cag			1104

Pro Gly Gly Leu Ser Leu Gly Asn Val Thr Ala Trp Gln Gln Pro Gln
 355 360 365
 cag ccc cag cag ccg cag cag cca cag cct cca cag cag cag cca ccg 1152
 Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro Gln Pro Pro Gln Gln Pro Gln Pro
 370 375 380
 cag cca cag cag cca cag cca cag cag cct cag cag ccg caa cag cca 1200
 Gln Pro Gln Gln Pro Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Pro
 385 390 395 400
 cct cag caa cag tcc cac ctg gtc cct gta tct ctc agc aac ctc atc 1248
 Pro Gln Gln Gln Ser His Leu Val Pro Val Ser Leu Ser Asn Leu Ile
 405 410 415
 ccg ggc agc ccc ctg ccc cac gtg ggt gct gcc ctc aca gtc acc acc 1296
 Pro Gly Ser Pro Leu Pro His Val Gly Ala Ala Leu Thr Val Thr Thr
 420 425 430
 cac ccc cac atc agc atc aag tca gaa ccg gtg tcc cca agc cgt gag 1344
 His Pro His Ile Ser Ile Lys Ser Glu Pro Val Ser Pro Ser Arg Glu
 435 440 445
 cgc agc cct gcg cct ccc cct cca gct gtg ttc cca gct gcc cgc cct 1392
 Arg Ser Pro Ala Pro Pro Pro Ala Val Phe Pro Ala Ala Arg Pro
 450 455 460
 gag cct ggc gat ggt ctc agc agc cca gcc ggg gga tcc tat gag acg 1440
 Glu Pro Gly Asp Gly Leu Ser Ser Pro Ala Gly Gly Ser Tyr Glu Thr
 465 470 475 480
 gga gac cgg gat gac gga cgg ggg gac ttc ggg ccc aca ctg ggc ctg 1488
 Gly Asp Arg Asp Asp Gly Arg Gly Asp Phe Gly Pro Thr Leu Gly Leu
 485 490 495

ctg cgc cca gcc cca gag cct gag gct gag ggc tca gct gtg aag agg 1536
 Leu Arg Pro Ala Pro Glu Pro Glu Ala Glu Gly Ser Ala Val Lys Arg
 500 505 510
 atg cgg ctt gat acc tgg aca tta aag 1563
 Met Arg Leu Asp Thr Trp Thr Leu Lys
 515 520 /
 <210> 21
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> Rattus norvegicus
 <400> 21
 Met Ser Leu Val Gly Gly Phe Pro His His Pro Val Val His His Glu
 1 5 10 15
 Gly Tyr Pro Phe Ala
 20 25 30
 Ser Arg Cys Ser His Glu Glu Asn Pro Tyr Phe His Gly Trp Leu Ile
 35 40 45
 Gly His Pro Glu Met Ser Pro Pro Asp Tyr Ser Met Ala Leu Ser Tyr
 50 55 60
 Ser Pro Glu Tyr Ala Ser Gly Ala Ala Gly Leu Asp His Ser His Tyr
 65 70 75 80
 Gly Gly Val Pro Pro Gly Ala Gly Pro Pro Gly Leu Gly Gly Pro Arg
 85 90 95
 Pro Val Lys Arg Arg Gly Thr Ala Asn Arg Lys Glu Arg Arg Arg Thr
 100 105 110
 Gln Ser Ile Asn Ser Ala Phe Ala Glu Leu Arg Glu Cys Ile Pro Asn

115	120	125	
Val Pro Ala Asp Thr Lys Leu Ser Lys Ile Lys Thr Leu Arg Leu Ala			
130	135	140	
Thr Ser Tyr Ile Ala Tyr Leu Met Asp Leu Leu Ala Lys Asp Asp Gln			
145	150	155	160
Asn Gly Glu Ala Glu Ala Phe Lys Ala Glu Ile Lys Lys Thr Asp Val			
165	170	175	
Lys Glu Glu Lys Arg Lys Glu Leu Asn Glu Ile Leu Lys Ser Thr			
180	185	190	
Val Ser Ser Asn Asp Lys Lys Thr Lys Gly Arg Thr Gly Trp Pro Gln			
195	200	205	
His Val Trp Ala Leu Glu Leu Lys Gln			
210	215		
<210> 22			
<211> 651			
<212> DNA			
<213> Rattus norvegicus			
<220>			
<221> CDS			
<223> (1)..(654)			
<400> 22			
atg agt ctg gtg ggg ggc ttt ccc cac cac ccc gtg gtg cac cat gag 48			
Met Ser Leu Val Gly Gly Phe Pro His His Pro Val Val His His Glu			
1	5	10	15
ggc tac ccg ttc gcc gca gcc gca gcc gct gct gct gcc gcc gcc 96			
Gly Tyr Pro Phe Ala			

20	25	30	
agc cgc tgc agt cac gag gag aac ccc tat ttc cac ggc tgg ctt att 144			
Ser Arg Cys Ser His Glu Glu Asn Pro Tyr Phe His Gly Trp Leu Ile			
35	40	45	
ggc cac ccg gag atg tcg ccc ccc gac tac agc atg gcc ctg tcc tac 192			
Gly His Pro Glu Met Ser /Pro Pro Asp Tyr Ser Met Ala Leu Ser Tyr			
50	55	60	
agt ccc gag tac gcc agc ggt gcc gcg ggc ctg gac cac tcc cat tat 240			
Ser Pro Glu Tyr Ala Ser Gly Ala Ala Gly Leu Asp His Ser His Tyr			
65	70	75	80
ggg gga gtg ccg ccc ggt gcc ggg cct ccc ggc ctg ggg ggg ccg cgc 288			
Gly Gly Val Pro Pro Gly Ala Gly Pro Pro Gly Leu Gly Gly Pro Arg			
85	90	95	
ccg gtg aag cgt cgg ggc acc gcc aac cgc aag gag cgg cgc agg act 336			
Pro Val Lys Arg Arg Gly Thr Ala Asn Arg Lys Glu Arg Arg Arg Thr			
100	105	110	
cag agc atc aac agc gcc ttc gag ctg cgc gag tgc atc ccc aac 384			
Gln Ser Ile Asn Ser Ala Phe Ala Glu Leu Arg Glu Cys Ile Pro Asn			
115	120	125	
gtg ccc gcc gac acc aaa ctc tcc aaa atc aag act ctg cgc ctg gcc 432			
Val Pro Ala Asp Thr Lys Leu Ser Lys Ile Lys Thr Leu Arg Leu Ala			
130	135	140	
acc agc tac atc gcc tac ctc atg gat ctg ctg gcc aag gac gac cag 480			
Thr Ser Tyr Ile Ala Tyr Leu Met Asp Leu Leu Ala Lys Asp Asp Gln			
145	150	155	160
aac gga gag gcg gag gcc ttc aag gcg gag atc aag aag acc gac gtg 528			

Asn Gly Glu Ala Glu Ala Phe Lys Ala Glu Ile Lys Lys Thr Asp Val
165 170 175
aaa gag gag aag agg aag aaa gag ctg aat gaa atc ttg aaa agt aca 576
Lys Glu Glu Lys Arg Lys Lys Glu Leu Asn Glu Ile Leu Lys Ser Thr
180 185 190
gtg agc agc aac gac aag aaa acc aaa ggc cg^g aca ggc tgg cca cag 624
Val Ser Ser Asn Asp Lys Lys Thr Lys Gly Arg Thr Gly Trp Pro Gln
195 200 205
cac gtc tgg gcc ctg gag ctc aag cag 651
His Val Trp Ala Leu Glu Leu Lys Gln
210 215
<210> 23
<211> 215
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 23
Met Asn Leu Val Gly Ser Tyr Ala His His His His His His Pro
1 5 10 15
His Pro Ala His Pro Met Leu His Glu Pro Phe Leu Phe Gly Pro Ala
20 25 30
Ser Arg Cys His Gln Glu Arg Pro Tyr Phe Gln Ser Trp Leu Leu Ser
35 40 45
Pro Ala Asp Ala Ala Pro Asp Phe Pro Ala Gly Gly Pro Pro Pro Ala
50 55 60
Ala Ala Ala Ala Ala Thr Ala Tyr Gly Pro Asp Ala Arg Pro Gly Gln
65 70 75 80

Ser Pro Gly Arg Leu Glu Ala Leu Gly Gly Arg Leu Gly Arg Arg Lys

85

90

95

Gly Ser Gly Pro Lys Lys Glu Arg Arg Arg Thr Glu Ser Ile Asn Ser

100

105

110

Ala Phe Ala Glu Leu Arg Glu Cys Ile Pro Asn Val Pro Ala Asp Thr

115

120

125

Lys Leu Ser Lys Ile Lys Thr Leu Arg Leu Ala Thr Ser Tyr Ile Ala

130

135

140

Tyr Leu Met Asp Val Leu Ala Lys Asp Ala Gln Ser Gly Asp Pro Glu

145

150

155

160

Ala Phe Lys Ala Glu Leu Lys Lys Ala Asp Gly Gly Arg Glu Ser Lys

165

170

175

Arg Lys Arg Glu Leu Gln Gln His Glu Gly Phe Pro Pro Ala Leu Gly

180

185

190

Pro Val Glu Lys Arg Ile Lys Gly Arg Thr Gly Trp Pro Gln Gln Val

195

200

205

Trp Ala Leu Glu Leu Asn Gln

210

<210> 24

<211> 645

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(648)

<400> 24

atg aac ctc gtg ggc agc tac gca cac cat cac cac cat cac cac ccg	48
Met Asn Leu Val Gly Ser Tyr Ala His His His His His His His Pro	
1 5 10 15	
cac cct gcg cac ccc atg ctc cac gaa ccc ttc ctc ttc ggt ccg gcc	96
His Pro Ala His Pro Met Leu His Glu Pro Phe Leu Phe Gly Pro Ala	
20 25 30	
tcg cgc tgt cat cag gaa agg ccc tac ttc cag agc tgg ctg ctg agc	144
Ser Arg Cys His Gln Glu Arg Pro Tyr Phe Gln Ser Trp Leu Leu Ser	
35 40 45	
ccg gct gac gct gcc ccg gac ttc cct gcg ggc ggg ccg ccg ccc gcg	192
Pro Ala Asp Ala Ala Pro Asp Phe Pro Ala Gly Gly Pro Pro Pro Ala	
50 55 60	
gcc gct gca gcc gcc acc gcc tat ggt cct gac gcc agg cct ggg cag	240
Ala Ala Ala Ala Ala Thr Ala Tyr Gly Pro Asp Ala Arg Pro Gly Gln	
65 70 75 80	
agc ccc ggg cgg ctg gag gcg ctt ggc ggc cgt ctt ggc cgg cgg aaa	288
Ser Pro Gly Arg Leu Glu Ala Leu Gly Gly Arg Leu Gly Arg Arg Lys	
85 90 95	
ggc tca gga ccc aag aag gag cgg aga cgc act gag agc att aac agc	336
Gly Ser Gly Pro Lys Lys Glu Arg Arg Thr Glu Ser Ile Asn Ser	
100 105 110	
gca ttc gcg gag ttg cgc gag tgc atc ccc aac gtg ccg gcc gac acc	384
Ala Phe Ala Glu Leu Arg Glu Cys Ile Pro Asn Val Pro Ala Asp Thr	
115 120 125	
aag ctc tcc aag atc aag act ctg cgc cta gcc acc agc tac atc gcc	432
Lys Leu Ser Lys Ile Lys Thr Leu Arg Leu Ala Thr Ser Tyr Ile Ala	

130	135	140	
tac ctg atg gac gtg ctg gcc aag gat gca cag tct ggc gat ccc gag			480
Tyr Leu Met Asp Val Leu Ala Lys Asp Ala Gln Ser Gly Asp Pro Glu			
145	150	155	160
gcc ttc aag gct gaa ctc aag aag gcg gat ggc ggc cgt gag agc aag			528
Ala Phe Lys Ala Glu Leu Lys Lys Ala Asp Gly Gly Arg Glu Ser Lys			
165	170	175	
cgg aaa agg gag ctg cag cac gaa ggt ttt cct cct gcc ctg ggc			576
Arg Lys Arg Glu Leu Gln Gln His Glu Gly Phe Pro Pro Ala Leu Gly			
180	185	190	
cca gtc gag aag agg att aaa gga cgc acc ggc tgg ccg cag caa gtc			624
Pro Val Glu Lys Arg Ile Lys Gly Arg Thr Gly Trp Pro Gln Gln Val			
195	200	205	
tgg gcg ctg gag tta aac cag			645
Trp Ala Leu Glu Leu Asn Gln			
210	215		
<210> 25			
<211> 411			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 25			
Met Glu Arg Met Ser Asp Ser Ala Asp Lys Pro Ile Asp Asn Asp Ala			
1	5	10	15
Glu Gly Val Trp Ser Pro Asp Ile Glu Gln Ser Phe Gln Glu Ala Leu			
20	25	30	
Ala Ile Tyr Pro Pro Cys Gly Arg Arg Lys Ile Ile Leu Ser Asp Glu			

35 40 45

Gly Lys Met Tyr Gly Arg Asn Glu Leu Ile Ala Arg Tyr Ile Lys Leu
50 55 60

Arg Thr Gly Lys Thr Arg Thr Arg Lys Gln Val Ser Ser His Ile Gln
65 70 75 80

Val Leu Ala Arg Arg Lys Ser Arg Asp Phe His Ser Lys Leu Lys Asp
85 90 95

Gln Thr Ala Lys Asp Lys Ala Leu Gln His Met Ala Ala Met Ser Ser
100 105 110

Ala Gln Ile Val Ser Ala Thr Ala Ile His Asn Lys Leu Gly Leu Pro
115 120 125

Gly Ile Pro Arg Pro Thr Phe Pro Gly Ala Pro Gly Phe Trp Pro Gly
130 135 140

Met Ile Gln Thr Gly Gln Pro Gly Ser Ser Gln Asp Val Lys Pro Phe
145 150 155 160

Val Gln Gln Ala Tyr Pro Ile Gln Pro Ala Val Thr Ala Pro Ile Pro
165 170 175

Gly Phe Glu Pro Ala Ser Ala Pro Ala Pro Ser Val Pro Ala Trp Gln
180 185 190

Gly Arg Ser Ile Gly Thr Thr Lys Leu Arg Leu Val Glu Phe Ser Ala
195 200 205

Phe Leu Glu Gln Gln Arg Asp Pro Asp Ser Tyr Asn Lys His Leu Phe
210 215 220

Val His Ile Gly His Ala Asn His Ser Tyr Ser Asp Pro Leu Leu Glu
225 230 235 240

Ser Val Asp Ile Arg Gln Ile Tyr Asp Lys Phe Pro Glu Lys Lys Gly

245 250 255
Gly Leu Lys Glu Leu Phe Gly Lys Gly Pro Gln Asn Ala Phe Phe Leu
260 265 270
Val Lys Phe Trp Ala Asp Leu Asn Cys Asn Ile Gln Asp Asp Ala Gly
275 280 285
Ala Phe Tyr Gly Val Thr Ser Gln Tyr Glu Ser Ser Glu Asn Met Thr
290 295 300
Val Thr Cys Ser Thr Lys Val Cys Ser Phe Gly Lys Gln Val Val Glu
305 310 315 320
Lys Val Glu Thr Glu Tyr Ala Arg Phe Glu Asn Gly Arg Phe Val Tyr
325 330 335
Arg Ile Asn Arg Ser Pro Met Cys Glu Tyr Met Ile Asn Phe Ile His
340 345 350
Lys Leu Lys His Leu Pro Glu Lys Tyr Met Met Asn Ser Val Leu Glu
355 360 365
Asn Phe Thr Ile Leu Leu Val Val Thr Asn Arg Asp Thr Gln Glu Thr
370 375 380
Leu Leu Cys Met Ala Cys Val Phe Glu Val Ser Asn Ser Glu His Gly
385 390 395 400
Ala Gln His His Ile Tyr Arg Leu Val Lys Asp
405 410

<210> 26

<211> 1233

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1236)

<400> 26

atg	gaa	agg	atg	agt	gac	tct	gca	gat	aag	cca	att	gac	aat	gat	gca	48
Met	Glu	Arg	Met	Ser	Asp	Ser	Ala	Asp	Lys	Pro	Ile	Asp	Asn	Asp	Ala	/
1			5				10				15					
gaa	ggg	gtc	tgg	agc	ccc	gac	atc	gag	caa	agc	ttt	cag	gag	gcc	ctg	96
Glu	Gly	Val	Trp	Ser	Pro	Asp	Ile	Glu	Gln	Ser	Phe	Gln	Glu	Ala	Leu	
20			25				30									
gct	atc	tat	cca	cca	tgt	ggg	agg	agg	aaa	atc	atc	tta	tca	gac	gaa	144
Ala	Ile	Tyr	Pro	Pro	Cys	Gly	Arg	Arg	Lys	Ile	Ile	Leu	Ser	Asp	Glu	
35			40				45									
ggc	aaa	atg	tat	ggt	agg	aat	gaa	ttg	ata	gcc	aga	tac	atc	aaa	ctc	192
Gly	Lys	Met	Tyr	Gly	Arg	Asn	Glu	Leu	Ile	Ala	Arg	Tyr	Ile	Lys	Leu	
50			55				60									
agg	aca	ggc	aag	acg	agg	acc	aga	aaa	cag	gtg	tct	agt	cac	att	cag	240
Arg	Thr	Gly	Lys	Thr	Arg	Thr	Arg	Lys	Gln	Val	Ser	Ser	His	Ile	Gln	
65			70				75									80
gtt	ctt	gcc	aga	agg	aaa	tct	cgt	gat	ttt	cat	tcc	aag	cta	aag	gat	288
Val	Leu	Ala	Arg	Arg	Lys	Ser	Arg	Asp	Phe	His	Ser	Lys	Leu	Lys	Asp	
85			90				95									
cag	act	gca	aag	gat	aag	gcc	ctg	cag	cac	atg	gcg	gcc	atg	tcc	tca	336
Gln	Thr	Ala	Lys	Asp	Lys	Ala	Leu	Gln	His	Met	Ala	Ala	Met	Ser	Ser	
100			105				110									
gcc	cag	atc	gtc	tcg	gcc	act	gcc	att	cat	aac	aag	ctg	ggg	ctg	cct	384
Ala	Gln	Ile	Val	Ser	Ala	Thr	Ala	Ile	His	Asn	Lys	Leu	Gly	Leu	Pro	

115	120	125	
ggg att cca cgc ccg acc ttc cca ggg gcg ccg ggg ttc tgg ccg gga			432
Gly Ile Pro Arg Pro Thr Phe Pro Gly Ala Pro Gly Phe Trp Pro Gly			
130	135	140	
atg att caa aca ggg cag cca gga tcc tca caa gac gtc aag cct ttt			480
Met Ile Gln Thr Gly Gln Pro Gly Ser Ser Gln Asp Val Lys Pro Phe			
145	150	155	160
gtg cag cag gcc tac ccc atc cag cca gcg gtc aca gcc ccc att cca			528
Val Gln Gln Ala Tyr Pro Ile Gln Pro Ala Val Thr Ala Pro Ile Pro			
165	170	175	
ggg ttt gag cct gca tcg gcc cca gct ccc tca gtc cct gcc tgg caa			576
Gly Phe Glu Pro Ala Ser Ala Pro Ala Ser Val Pro Ala Trp Gln			
180	185	190	
ggt cgc tcc att ggc aca acc aag ctt cgc ctg gtg gaa ttt tca gct			624
Gly Arg Ser Ile Gly Thr Thr Lys Leu Arg Leu Val Glu Phe Ser Ala			
195	200	205	
ttt ctc gag cag cag cga gac cca gac tcg tac aac aaa cac ctc ttc			672
Phe Leu Glu Gln Gln Arg Asp Pro Asp Ser Tyr Asn Lys His Leu Phe			
210	215	220	
gtg cac att ggg cat gcc aac cat tct tac agt gac cca ttg ctt gaa			720
Val His Ile Gly His Ala Asn His Ser Tyr Ser Asp Pro Leu Leu Glu			
225	230	235	240
tca gtg gac att cgt cag att tat gac aaa ttt cct gaa aag aaa ggt			768
Ser Val Asp Ile Arg Gln Ile Tyr Asp Lys Phe Pro Glu Lys Lys Gly			
245	250	255	
ggc tta aag gaa ctg ttt gga aag ggc cct caa aat gcc ttc ttc ctc			816

gca caa cat cat att tac agg ctt gta aag gac 1233
Ala Gln His His Ile Tyr Arg Leu Val Lys Asp
405 410
<210> 27
<211> 427
<212> PRT
<213> Homo sapiens
<400> 27
Ile Thr Ser Asn Glu Trp Ser Ser Pro Thr Ser Pro Glu Gly Ser Thr
1 5 10 15
Ala Ser Gly Gly Ser Gln Ala Leu Asp Lys Pro Ile Asp Asn Asp Ala
20 25 30
Glu Gly Val Trp Ser Pro Asp Ile Glu Gln Ser Phe Gln Glu Ala Leu
35 40 45
Ala Ile Tyr Pro Pro Cys Gly Arg Arg Lys Ile Ile Leu Ser Asp Glu
50 55 60
Gly Lys Met Tyr Gly Arg Asn Glu Leu Ile Ala Arg Tyr Ile Lys Leu
65 70 75 80
Arg Thr Gly Lys Thr Arg Thr Arg Lys Gln Val Ser Ser His Ile Gln
85 90 95
Val Leu Ala Arg Arg Lys Ala Arg Glu Ile Gln Ala Lys Leu Lys Asp
100 105 110
Gln Ala Ala Lys Asp Lys Ala Leu Gln Ser Met Ala Ala Met Ser Ser
115 120 125
Ala Gln Ile Ile Ser Ala Thr Ala Phe His Ser Ser Met Ala Leu Ala
130 135 140

Arg Gly Pro Gly Arg Pro Ala Val Ser Gly Phe Trp Gln Gly Ala Leu
145 150 155 160
Pro Gly Gln Ala Gly Thr Ser His Asp Val Lys Pro Phe Ser Gln Gln
165 170 175
Thr Tyr Ala Val Gln Pro Pro Leu Pro Leu Pro Gly Phe Glu Ser Pro
180 185 190
Ala Gly Pro Ala Pro Ser Pro Ser Ala Pro Pro Ala Pro Pro Trp Gln
195 200 205
Gly Arg Ser Val Ala Ser Ser Lys Leu Trp Met Leu Glu Phe Ser Ala
210 215 220
Phe Leu Glu Gln Gln Gln Asp Pro Asp Thr Tyr Asn Lys His Leu Phe
225 230 235 240
Val His Ile Gly Gln Ser Ser Pro Ser Tyr Ser Asp Pro Tyr Leu Glu
245 250 255
Ala Val Asp Ile Arg Gln Ile Tyr Asp Lys Phe Pro Glu Lys Lys Gly
260 265 270
Gly Leu Lys Asp Leu Phe Glu Arg Gly Pro Ser Asn Ala Phe Phe Leu
275 280 285
Val Lys Phe Trp Ala Asp Leu Asn Thr Asn Ile Glu Asp Glu Gly Ser
290 295 300
Ser Phe Tyr Gly Val Ser Ser Gln Tyr Glu Ser Pro Glu Asn Met Ile
305 310 315 320
Ile Thr Cys Ser Thr Lys Val Cys Ser Phe Gly Lys Gln Val Val Glu
325 330 335
Lys Val Glu Thr Glu Tyr Ala Arg Tyr Glu Asn Gly His Tyr Ser Tyr
340 345 350

Arg Ile His Arg Ser Pro Leu Cys Glu Tyr Met Ile Asn Phe Ile His
 355 360 365
 Lys Leu Lys His Leu Pro Glu Lys Tyr Met Met Asn Ser Val Leu Glu
 370 375 380
 Asn Phe Thr Ile Leu Gln Val Val Thr Asn Arg Asp Thr Gln Glu Thr
 385 390 395 / 400
 Leu Leu Cys Ile Ala Tyr Val Phe Glu Val Ser Ala Ser Glu His Gly
 405 410 415
 Ala Gln His His Ile Tyr Arg Leu Val Lys Glu
 420 425
 <210> 28
 <211> 1281
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <223> (1)..(1284)
 <400> 28
 att acc tcc aac gag tgg agc tct ccc acc tcc cct gag ggg agc acc 48
 Ile Thr Ser Asn Glu Trp Ser Ser Pro Thr Ser Pro Glu Gly Ser Thr
 1 5 10 15
 gcc tct ggg ggc agt cag gca ctg gac aag ccc atc gac aat gac gca 96
 Ala Ser Gly Gly Ser Gln Ala Leu Asp Lys Pro Ile Asp Asn Asp Ala
 20 25 30
 gag ggc gtg tgg agc ccg gat att gag cag agt ttc cag gag gcc ctc 144
 Glu Gly Val Trp Ser Pro Asp Ile Glu Gln Ser Phe Gln Glu Ala Leu

35	40	45	
gcc atc tac ccg ccc tgt ggc agg cgc aaa atc atc ctg tcg gac gag			192
Ala Ile Tyr Pro Pro Cys Gly Arg Arg Lys Ile Ile Leu Ser Asp Glu			
50	55	60	
ggc aag atg tat ggt cgg aac gag ctg att gcc cgc tac atc aag ctc			240
/ Gly Lys Met Tyr Gly Arg Asn Glu Leu Ile Ala Arg Tyr Ile Lys Leu			
65	70	75	80
cg ^g aca ggg aag acc cgc acc agg aag cag gtc tcc agc cac atc cag			288
Arg Thr Gly Lys Thr Arg Thr Arg Lys Gln Val Ser Ser His Ile Gln			
85	90	95	
gtg ctg gct cgt cgc aaa gct cgc gag atc cag gcc aag cta aag gac			336
Val Leu Ala Arg Arg Lys Ala Arg Glu Ile Gln Ala Lys Leu Lys Asp			
100	105	110	
cag gca gct aag gac aag gcc ctg cag agc atg gct gcc atg tcg tct			384
Gln Ala Ala Lys Asp Lys Ala Leu Gln Ser Met Ala Ala Met Ser Ser			
115	120	125	
gca cag atc atc tcc gcc acg gcc ttc cac agt agc atg gcc ctc gcc			432
Ala Gln Ile Ile Ser Ala Thr Ala Phe His Ser Ser Met Ala Leu Ala			
130	135	140	
cg ^g ggc ccc ggc cgc cca gca gtc tca ggg ttt tgg caa gga gct ttg			480
Arg Gly Pro Gly Arg Pro Ala Val Ser Gly Phe Trp Gln Gly Ala Leu			
145	150	155	160
cca ggc caa gcc gga acg tcc cat gat gtg aag cct ttc tct cag caa			528
Pro Gly Gln Ala Gly Thr Ser His Asp Val Lys Pro Phe Ser Gln Gln			
165	170	175	
acc tat gct gtc cag cct ccg ctg cct ctg cca ggg ttt gag tct cct			576

Thr	Tyr	Ala	Val	Gln	Pro	Pro	Leu	Pro	Leu	Pro	Gly	Phe	Glu	Ser	Pro
180							185						190		
gca	ggg	ccc	gcc	cca	tcg	ccc	tct	gcg	ccc	ccg	gca	ccc	cca	tgg	cag
Ala	Gly	Pro	Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Ala	Pro	Pro	Ala	Pro	Pro	Trp	Gln
195							200						205		
ggc	cgc	agc	gtg	gcc	agc	tcc	aag	ctc	tgg	atg	ttg	gag	ttc	tct	gcc
Gly	Arg	Ser	Val	Ala	Ser	Ser	Lys	Leu	Trp	Met	Leu	Glu	Phe	Ser	Ala
210							215						220		
ttc	ctg	gag	cag	cag	gac	ccg	gac	acg	tac	aac	aag	cac	ctg	ttc	
Phe	Leu	Glu	Gln	Gln	Asp	Pro	Asp	Thr	Tyr	Asn	Lys	His	Leu	Phe	
225							230						240		
gtg	cac	att	ggc	cag	tcc	agc	cca	agc	tac	agc	gac	ccc	tac	ctc	gaa
Val	His	Ile	Gly	Gln	Ser	Ser	Pro	Ser	Tyr	Ser	Asp	Pro	Tyr	Leu	Glu
245							250						255		
gcc	gtg	gac	atc	cgc	caa	atc	tat	gac	aaa	ttc	ccg	gag	aaa	aag	ggt
Ala	Val	Asp	Ile	Arg	Gln	Ile	Tyr	Asp	Lys	Phe	Pro	Glu	Lys	Lys	Gly
260							265						270		
gga	ctc	aag	gat	ctc	ttc	gaa	cg	gga	ccc	tcc	aat	gcc	ttt	ttt	ctt
Gly	Leu	Lys	Asp	Leu	Phe	Glu	Arg	Gly	Pro	Ser	Asn	Ala	Phe	Phe	Leu
275							280						285		
gtg	aag	ttc	tgg	gca	gac	ctc	aac	acc	aac	atc	gag	gat	gaa	ggc	agc
Val	Lys	Phe	Trp	Ala	Asp	Leu	Asn	Thr	Asn	Ile	Glu	Asp	Glu	Gly	Ser
290							295						300		
tcc	ttc	tat	ggg	gtc	tcc	agc	cag	tat	gag	agc	ccc	gag	aac	atg	atc
Ser	Phe	Tyr	Gly	Val	Ser	Ser	Gln	Tyr	Glu	Ser	Pro	Glu	Asn	Met	Ile
305							310						315		
													320		

atc acc tgc tcc acg aag gtc tgc tct ttc ggc aag cag gtg gtg gag			1008
Ile Thr Cys Ser Thr Lys Val Cys Ser Phe Gly Lys Gln Val Val Glu			
325	330	335	
aaa gtt gag aca gag tat gct cgc tat gag aat gga cac tac tct tac			1056
Lys Val Glu Thr Glu Tyr Ala Arg Tyr Glu Asn Gly His Tyr Ser Tyr			
340	345	350	/
cgc atc cac cgg tcc ccg ctc tgt gag tac atg atc aac ttc atc cac			1104
Arg Ile His Arg Ser Pro Leu Cys Glu Tyr Met Ile Asn Phe Ile His			
355	360	365	
aag ctc aag cac ctc cct gag aag tac atg atg aac agc gtg ctg gag			1152
Lys Leu Lys His Leu Pro Glu Lys Tyr Met Met Asn Ser Val Leu Glu			
370	375	380	
aac ttc acc atc ctg cag gtg gtc acc aac aga gac aca cag gag acc			1200
Asn Phe Thr Ile Leu Gln Val Val Thr Asn Arg Asp Thr Gln Glu Thr			
385	390	395	400
ttg ctg tgc att gcc tat gtc ttt gag gtg tca gcc agt gag cac ggg			1248
Leu Leu Cys Ile Ala Tyr Val Phe Glu Val Ser Ala Ser Glu His Gly			
405	410	415	
gct cag cac cac atc tac agg ctg gtg aaa gaa			1281
Ala Gln His His Ile Tyr Arg Leu Val Lys Glu			
420	425		
<210> 29			
<211> 435			
<212> PRT			
<213> Homo sapiens			
<400> 29			

Ile Ala Ser Asn Ser Trp Asn Ala Ser Ser Ser Pro Gly Glu Ala Arg
1 5 10 15
Glu Asp Gly Pro Glu Gly Leu Asp Lys Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu
20 25 30
Gly Val Trp Ser Pro Asp Ile Glu Gln Ser Phe Gln Glu Ala Leu Ala
/ 35 40 45
Ile Tyr Pro Pro Cys Gly Arg Arg Lys Ile Ile Leu Ser Asp Glu Gly
50 55 60
Lys Met Tyr Gly Arg Asn Glu Leu Ile Ala Arg Tyr Ile Lys Leu Arg
65 70 75 80
Thr Gly Lys Thr Arg Thr Arg Lys Gln Val Ser Ser His Ile Gln Val
85 90 95
Leu Ala Arg Lys Lys Val Arg Glu Tyr Gln Val Gly Ile Lys Ala Met
100 105 110
Asn Leu Asp Gln Val Ser Lys Asp Lys Ala Leu Gln Ser Met Ala Ser
115 120 125
Met Ser Ser Ala Gln Ile Val Ser Ala Ser Val Leu Gln Asn Lys Phe
130 135 140
Ser Pro Pro Ser Pro Leu Pro Gln Ala Val Phe Ser Thr Ser Ser Arg
145 150 155 160
Phe Trp Ser Ser Pro Pro Leu Leu Gly Gln Gln Pro Gly Pro Ser Gln
165 170 175
Asp Ile Lys Pro Phe Ala Gln Pro Ala Tyr Pro Ile Gln Pro Pro Leu
180 185 190
Pro Pro Thr Leu Ser Ser Tyr Glu Pro Leu Ala Pro Leu Pro Ser Ala
195 200 205

Ala Ala Ser Val Pro Val Trp Gln Asp Arg Thr Ile Ala Ser Ser Arg
210 215 220

Leu Arg Leu Leu Glu Tyr Ser Ala Phe Met Glu Val Gln Arg Asp Pro
225 230 235 240

Asp Thr Tyr Ser Lys His Leu Phe Val His Ile Gly Gln Thr Asn Pro
245 250 255

Ala Phe Ser Asp Pro Pro Leu Glu Ala Val Asp Val Arg Gln Ile Tyr
260 265 270

Asp Lys Phe Pro Glu Lys Lys Gly Gly Leu Lys Glu Leu Tyr Glu Lys
275 280 285

Gly Pro Pro Asn Ala Phe Phe Leu Val Lys Phe Trp Ala Asp Leu Asn
290 295 300

Ser Thr Ile Gln Glu Gly Pro Gly Ala Phe Tyr Gly Val Ser Ser Gln
305 310 315 320

Tyr Ser Ser Ala Asp Ser Met Thr Ile Ser Val Ser Thr Lys Val Cys
325 330 335

Ser Phe Gly Lys Gln Val Val Glu Lys Val Glu Thr Glu Tyr Ala Arg
340 345 350

Leu Glu Asn Gly Arg Phe Val Tyr Arg Ile His Arg Ser Pro Met Cys
355 360 365

Glu Tyr Met Ile Asn Phe Ile His Lys Leu Lys His Leu Pro Glu Lys
370 375 380

Tyr Met Met Asn Ser Val Leu Glu Asn Phe Thr Ile Leu Gln Val Val
385 390 395 400

Thr Ser Arg Asp Ser Gln Glu Thr Leu Leu Val Ile Ala Phe Val Phe
405 410 415

Glu Val Ser Thr Ser Glu His Gly Ala Gln His His Val Tyr Lys Leu

420

425

430

Val Lys Asp

<210> 30

<211> 1305

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(1305)

<400> 30

ata gcg tcc aac agc tgg aac gcc agc agc agc ccc ggg gag gcc cg 48

Ile Ala Ser Asn Ser Trp Asn Ala Ser Ser Ser Pro Gly Glu Ala Arg

1

5

10

15

gag gat ggg ccc gag ggc ctg gac aag ggg ctg gac aac gat gcg gag 96

Glu Asp Gly Pro Glu Gly Leu Asp Lys Gly Leu Asp Asn Asp Ala Glu

20

25

30

ggc gtg tgg agc ccg gac atc gag cag agc ttc cag gag gcc ctg gc 144

Gly Val Trp Ser Pro Asp Ile Glu Gln Ser Phe Gln Glu Ala Leu Ala

35

40

45

atc tac ccg ccc tgc ggc cg aag atc atc ctg tca gac gag ggc 192

Ile Tyr Pro Pro Cys Gly Arg Arg Lys Ile Ile Leu Ser Asp Glu Gly

50

55

60

aag atg tac ggc cga aat gag ttg att gca cgc tat att aaa ctg agg 240

Lys Met Tyr Gly Arg Asn Glu Leu Ile Ala Arg Tyr Ile Lys Leu Arg

65

70

75

80

acg	ggg	aag	act	cgg	acg	aga	aaa	cag	gtg	tcc	agc	cac	ata	cag	gtt	288
Thr	Gly	Lys	Thr	Arg	Thr	Arg	Lys	Gln	Val	Ser	Ser	His	Ile	Gln	Val	
			85					90				95				
cta	gct	cgg	aag	aag	gtg	cgg	gag	tac	cag	gtt	gcc	atc	aag	gcc	atg	336
Leu	Ala	Arg	Lys	Lys	Val	Arg	Glu	Tyr	Gln	Val	Gly	Ile	Lys	Ala	Met	
			100				105				110					
aac	ctg	gac	cag	gtc	tcc	aag	gac	aaa	gcc	ctt	cag	agc	atg	gcg	tcc	384
Asn	Leu	Asp	Gln	Val	Ser	Lys	Asp	Lys	Ala	Leu	Gln	Ser	Met	Ala	Ser	
			115				120				125					
atg	tcc	tct	gcc	cag	atc	gtc	tct	gcc	agt	gtc	ctg	cag	aac	aag	ttc	432
Met	Ser	Ser	Ala	Gln	Ile	Val	Ser	Ala	Ser	Val	Leu	Gln	Asn	Lys	Phe	
			130				135				140					
agc	cca	cct	tcc	cct	ctg	ccc	cag	gcc	gtc	ttc	tcc	act	tcc	tcg	cgg	480
Ser	Pro	Pro	Ser	Pro	Leu	Pro	Gln	Ala	Val	Phe	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	
			145				150				155			160		
ttc	tgg	agc	agc	ccc	cct	ctc	ctg	gga	cag	cag	cct	gga	ccc	tct	cag	528
Phe	Trp	Ser	Ser	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	Gln	Gln	Pro	Gly	Pro	Ser	Gln	
			165				170				175					
gac	atc	aag	ccc	ttt	gca	cag	cca	gcc	tac	ccc	atc	cag	ccg	ccc	ctg	576
Asp	Ile	Lys	Pro	Phe	Ala	Gln	Pro	Ala	Tyr	Pro	Ile	Gln	Pro	Pro	Leu	
			180				185				190					
ccg	ccg	acg	ctc	agc	agt	tat	gag	ccc	ctg	gcc	ccg	ctc	ccc	tca	gct	624
Pro	Pro	Thr	Leu	Ser	Ser	Tyr	Glu	Pro	Leu	Ala	Pro	Leu	Pro	Ser	Ala	
			195				200				205					
gct	gcc	tct	gtg	cct	gtg	tgg	cag	gac	cgt	acc	att	gcc	tcc	tcc	cgg	672
Ala	Ala	Ser	Val	Pro	Val	Trp	Gln	Asp	Arg	Thr	Ile	Ala	Ser	Ser	Arg	

210	215	220	
ctg cgg ctc ctg gag tat tca gcc ttc atg gag gtg cag cga gac cct			720
Leu Arg Leu Leu Glu Tyr Ser Ala Phe Met Glu Val Gln Arg Asp Pro			
225	230	235	240
gac acg tac agc aaa cac ctg ttt gtg cac atc ggc cag acg aac ccc			768
Asp Thr Tyr Ser Lys His Leu Phe Val His Ile Gly Gln Thr Asn Pro			
245	250	255	
gcc ttc tca gac cca ccc ctg gag gca gta gat gtg cgc cag atc tat			816
Ala Phe Ser Asp Pro Pro Leu Glu Ala Val Asp Val Arg Gln Ile Tyr			
260	265	270	
gac aaa ttc ccc gag aaa aag gga gga ttg aag gag ctc tat gag aag			864
Asp Lys Phe Pro Glu Lys Lys Gly Gly Leu Lys Glu Leu Tyr Glu Lys			
275	280	285	
ggg ccc cct aat gcc ttc ttc ctt gtc aag ttc tgg gcc gac ctc aac			912
Gly Pro Pro Asn Ala Phe Phe Leu Val Lys Phe Trp Ala Asp Leu Asn			
290	295	300	
agc acc atc cag gag ggc ccg gga gcc ttc tat ggg gtc agc tct cag			960
Ser Thr Ile Gln Glu Gly Pro Gly Ala Phe Tyr Gly Val Ser Ser Gln			
305	310	315	320
tac agc tct gct gat agc atg acc atc agc gtc tcc acc aag gtg tgc			1008
Tyr Ser Ser Ala Asp Ser Met Thr Ile Ser Val Ser Thr Lys Val Cys			
325	330	335	
tcc ttt ggc aaa cag gtg gta gag aag gtg gag act gag tat gcc agg			1056
Ser Phe Gly Lys Gln Val Val Glu Lys Val Glu Thr Glu Tyr Ala Arg			
340	345	350	
ctg gag aac ggg cgc ttt gtg tac cgt atc cac cgc tcg ccc atg tgc			1104

Leu Glu Asn Gly Arg Phe Val Tyr Arg Ile His Arg Ser Pro Met Cys
 355 360 365
 gag tac atg atc aac ttc atc cac aag ctg aag cac ctg ccc gag aag 1152
 Glu Tyr Met Ile Asn Phe Ile His Lys Leu Lys His Leu Pro Glu Lys
 370 375 380
 tac atg atg aac agc gtg ctg gag aac ttc acc atc ctg cag gtg gtc 1200
 Tyr Met Met Asn Ser Val Leu Glu Asn Phe Thr Ile Leu Gln Val Val
 385 390 395 400
 acg agc cg^g gac tcc cag gag acc ttg ctt gtc att gct ttt gtc ttc 1248
 Thr Ser Arg Asp Ser Gln Glu Thr Leu Leu Val Ile Ala Phe Val Phe
 405 410 415
 gaa gtc tcc acc agt gag cac ggg gcc cag cac cat gtc tac aag ctc 1296
 Glu Val Ser Thr Ser Glu His Gly Ala Gln His His Val Tyr Lys Leu
 420 425 430
 gtc aaa gac 1305
 Val Lys Asp
 435
 <210> 31
 <211> 1132
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 31
 Met Pro Arg Ala Pro Arg Cys Arg Ala Val Arg Ser Leu Leu Arg Ser
 1 5 10 15
 His Tyr Arg Glu Val Leu Pro Leu Ala Thr Phe Val Arg Arg Leu Gly
 20 25 30

Pro Gln Gly Trp Arg Leu Val Gln Arg Gly Asp Pro Ala Ala Phe Arg
35 40 45
Ala Leu Val Ala Gln Cys Leu Val Cys Val Pro Trp Asp Ala Arg Pro
50 55 60
Pro Pro Ala Ala Pro Ser Phe Arg Gln Val Ser Cys Leu Lys Glu Leu
65 / 70 75 80
Val Ala Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Arg Gly Ala Lys Asn Val
85 90 95
Leu Ala Phe Gly Phe Ala Leu Leu Asp Gly Ala Arg Gly Gly Pro Pro
100 105 110
Glu Ala Phe Thr Thr Ser Val Arg Ser Tyr Leu Pro Asn Thr Val Thr
115 120 125
Asp Ala Leu Arg Gly Ser Gly Ala Trp Gly Leu Leu Leu Arg Arg Val
130 135 140
Gly Asp Asp Val Leu Val His Leu Leu Ala Arg Cys Ala Leu Phe Val
145 150 155 160
Leu Val Ala Pro Ser Cys Ala Tyr Gln Val Cys Gly Pro Pro Leu Tyr
165 170 175
Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln Ala Arg Pro Pro His Ala Ser Gly
180 185 190
Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys Glu Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg
195 200 205
Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly Leu Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg
210 215 220
Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg
225 230 235 240

Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp
245 250 255

Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val
260 265 270

Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala
275 280 285 /

Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His
290 295 300

Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro
305 310 315 320

Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly
325 330 335

Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro
340 345 350

Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser
355 360 365

Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr Pro Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln
370 375 380

Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro Leu Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His
385 390 395 400

Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val Leu Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg
405 410 415

Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala Gly Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln
420 425 430

Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu Glu Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu
435 440 445

Val Gln Leu Leu Arg Gln His Ser Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe
450 455 460

Val Arg Ala Cys Leu Arg Arg Leu Val Pro Pro Gly Leu Trp Gly Ser
465 470 475 480

Arg His Asn Glu Arg Arg Phe Leu Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser
485 490 495

/

Leu Gly Lys His Ala Lys Leu Ser Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met
500 505 510

Ser Val Arg Asp Cys Ala Trp Leu Arg Arg Ser Pro Gly Val Gly Cys
515 520 525

Val Pro Ala Ala Glu His Arg Leu Arg Glu Glu Ile Leu Ala Lys Phe
530 535 540

Leu His Trp Leu Met Ser Val Tyr Val Val Glu Leu Leu Arg Ser Phe
545 550 555 560

Phe Tyr Val Thr Glu Thr Thr Phe Gln Lys Asn Arg Leu Phe Phe Tyr
565 570 575

Arg Lys Ser Val Trp Ser Lys Leu Gln Ser Ile Gly Ile Arg Gln His
580 585 590

Leu Lys Arg Val Gln Leu Arg Glu Leu Ser Glu Ala Glu Val Arg Gln
595 600 605

His Arg Glu Ala Arg Pro Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Arg Phe Ile
610 615 620

Pro Lys Pro Asp Gly Leu Arg Pro Ile Val Asn Met Asp Tyr Val Val
625 630 635 640

Gly Ala Arg Thr Phe Arg Arg Glu Lys Arg Ala Glu Arg Leu Thr Ser
645 650 655

Arg Val Lys Ala Leu Phe Ser Val Leu Asn Tyr Glu Arg Ala Arg Arg
660 665 670
Pro Gly Leu Leu Gly Ala Ser Val Leu Gly Leu Asp Asp Ile His Arg
675 680 685
Ala Trp Arg Thr Phe Val Leu Arg Val Arg Ala Gln Asp Pro Pro Pro
690 695/ 700
Glu Leu Tyr Phe Val Lys Val Asp Val Thr Gly Ala Tyr Asp Thr Ile
705 710 715 720
Pro Gln Asp Arg Leu Thr Glu Val Ile Ala Ser Ile Ile Lys Pro Gln
725 730 735
Asn Thr Tyr Cys Val Arg Arg Tyr Ala Val Val Gln Lys Ala Ala His
740 745 750
Gly His Val Arg Lys Ala Phe Lys Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp
755 760 765
Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln Phe Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser
770 775 780
Pro Leu Arg Asp Ala Val Val Ile Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu
785 790 795 800
Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp Val Phe Leu Arg Phe Met Cys His His
805 810 815
Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys Ser Tyr Val Gln Cys Gln Gly Ile Pro
820 825 830
Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Leu Cys Ser Leu Cys Tyr Gly Asp
835 840 845
Met Glu Asn Lys Leu Phe Ala Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu Leu Leu
850 855 860

Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu Leu Val Thr Pro His Leu Thr His Ala
865 870 875 880
Lys Thr Phe Leu Arg Thr Leu Val Arg Gly Val Pro Glu Tyr Gly Cys
885 890 895
Val Val Asn Leu Arg Lys Thr Val Val Asn Phe Pro Val Glu Asp Glu
900 905 910
Ala Leu Gly Gly Thr Ala Phe Val Gln Met Pro Ala His Gly Leu Phe
915 920 925
Pro Trp Cys Gly Leu Leu Leu Asp Thr Arg Thr Leu Glu Val Gln Ser
930 935 940
Asp Tyr Ser Ser Tyr Ala Arg Thr Ser Ile Arg Ala Ser Leu Thr Phe
945 950 955 960
Asn Arg Gly Phe Lys Ala Gly Arg Asn Met Arg Arg Lys Leu Phe Gly
965 970 975
Val Leu Arg Leu Lys Cys His Ser Leu Phe Leu Asp Leu Gln Val Asn
980 985 990
Ser Leu Gln Thr Val Cys Thr Asn Ile Tyr Lys Ile Leu Leu Gln
995 1000 1005
Ala Tyr Arg Phe His Ala Cys Val Leu Gln Leu Pro Phe His Gln Gln
1010 1015 1020
Val Trp Lys Asn Pro Thr Phe Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp Thr Ala
1025 1030 1035 1040
Ser Leu Cys Tyr Ser Ile Leu Lys Ala Lys Asn Ala Gly Met Ser Leu
1045 1050 1055
Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly Pro Leu Pro Ser Glu Ala Val Gln Trp
1060 1065 1070

Leu Cys His Gln Ala Phe Leu Leu Lys Leu Thr Arg His Arg Val Thr

1075 1080 1085

Tyr Val Pro Leu Leu Gly Ser Leu Arg Thr Ala Gln Thr Gln Leu Ser

1090 1095 1100

Arg Lys Leu Pro Gly Thr Thr Leu Thr Ala Leu Glu Ala Ala Asn

1105 1110 1115 1120

Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe Lys Thr Ile Leu Asp

1125 1130

<210> 32

<211> 3396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<223> (1)..(3399)

<400> 32

atg ccg cgc gct ccc cgc tgc cga gcc gtg cgc tcc ctg ctg cgc agc 48

Met Pro Arg Ala Pro Arg Cys Arg Ala Val Arg Ser Leu Leu Arg Ser

1 5 10 15

cac tac cgc gag gtg ctg ccg ctg gcc acg ttc gtg cgg cgc ctg ggg 96

His Tyr Arg Glu Val Leu Pro Leu Ala Thr Phe Val Arg Arg Leu Gly

20 25 30

ccc cag ggc tgg cgg ctg gtg cag cgc ggg gac ccg gcg gct ttc cgc 144

Pro Gln Gly Trp Arg Leu Val Gln Arg Gly Asp Pro Ala Ala Phe Arg

35 40 45

gcg ctg gtg gcc cag tgc ctg gtg tgc gtg ccc tgg gac gca cgg ccg 192

Ala Leu Val Ala Gln Cys Leu Val Cys Val Pro Trp Asp Ala Arg Pro
 50 55 60
 ccc ccc gcc gcc ccc tcc ttc cgc cag gtg tcc tgc ctg aag gag ctg 240
 Pro Pro Ala Ala Pro Ser Phe Arg Gln Val Ser Cys Leu Lys Glu Leu
 65 70 75 80
 gtg gcc cga gtg ctg cag agg ctg tgc gag cgc ggc gcg aag aac gtg 288
 Val Ala Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Arg Gly Ala Lys Asn Val
 85 90 95
 ctg gcc ttc ggc ttc gcg ctg ctg gac ggg gcc cgc ggg ggc ccc ccc 336
 Leu Ala Phe Gly Phe Ala Leu Leu Asp Gly Ala Arg Gly Gly Pro Pro
 100 105 110
 gag gcc ttc acc acc agc gtg cgc agc tac ctg ccc aac acg gtg acc 384
 Glu Ala Phe Thr Thr Ser Val Arg Ser Tyr Leu Pro Asn Thr Val Thr
 115 120 125
 gac gca ctg cgg ggg agc ggg gcg tgg ggg ctg ctg ctg cgc cgc gtg 432
 Asp Ala Leu Arg Gly Ser Gly Ala Trp Gly Leu Leu Arg Arg Val
 130 135 140
 ggc gac gac gtg ctg gtt cac ctg ctg gca cgc tgc gcg ctc ttt gtg 480
 Gly Asp Asp Val Leu Val His Leu Leu Ala Arg Cys Ala Leu Phe Val
 145 150 155 160
 ctg gtg gct ccc agc tgc gcc tac cag gtg tgc ggg ccg ccg ctg tac 528
 Leu Val Ala Pro Ser Cys Ala Tyr Gln Val Cys Gly Pro Pro Leu Tyr
 165 170 175
 cag ctc ggc gct gcc act cag gcc cgg ccc ccg cca cac gct agt gga 576
 Gln Leu Gly Ala Ala Thr Gln Ala Arg Pro Pro Pro His Ala Ser Gly
 180 185 190

ccc cga agg cgt ctg gga tgc gaa cgg gcc tgg aac cat agc gtc agg		624
Pro Arg Arg Arg Leu Gly Cys Glu Arg Ala Trp Asn His Ser Val Arg		
195	200	205
gag gcc ggg gtc ccc ctg ggc ctg cca gcc ccg ggt gcg agg agg cgc		672
Glu Ala Gly Val Pro Leu Gly Leu Pro Ala Pro Gly Ala Arg Arg Arg		
210	215	220
ggg ggc agt gcc agc cga agt ctg ccg ttg ccc aag agg ccc agg cgt		720
Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg		
225	230	235
ggc gct gcc cct gag ccg gag cgg acg ccc gtt ggg cag ggg tcc tgg		768
Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp		
245	250	255
gcc cac ccg ggc agg acg cgt gga ccg agt gac cgt ggt ttc tgt gtg		816
Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val		
260	265	270
gtg tca cct gcc aga ccc gcc gaa gaa gcc acc tct ttg gag ggt gcg		864
Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala		
275	280	285
ctc tct ggc acg cgc cac tcc cac cca tcc gtg ggc cgc cag cac cac		912
Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His		
290	295	300
gcg ggc ccc cca tcc aca tcg cgg cca cca cgt ccc tgg gac acg cct		960
Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro		
305	310	315
tgt ccc ccg gtg tac gcc gag acc aag cac ttc ctc tac tcc tca ggc		1008
Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly		

325	330	335	
gac aag gag cag ctg cg ^g ccc tcc ttc cta ctc agc tct ctg agg ccc			1056
Asp Lys Glu Glu Gln Leu Arg Pro Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro			
340	345	350	
agc ctg act ggc gct cg ^g agg ctc gtg gag acc atc ttt ctg ggt tcc			1104
Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser			
355	360	365	
agg ccc tgg atg cca ggg act ccc cgc agg ttg ccc cgc ctg ccc cag			1152
Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr Pro Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln			
370	375	380	
cgc tac tgg caa atg cg ^g ccc ctg ttt ctg gag ctg ctt ggg aac cac			1200
Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro Leu Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His			
385	390	395	400
g ^c g cag tgc ccc tac ggg gtg ctc ctc aag acg cac tgc ccg ctg cga			1248
Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val Leu Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg			
405	410	415	
gct g ^c g gtc acc cca gca gcc ggt gtc tgt gcc cgg gag aag ccc cag			1296
Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala Gly Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln			
420	425	430	
ggc tct gtg g ^c g gcc ccc gag gag gag gac aca gac ccc cgt cgc ctg			1344
Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu Glu Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu			
435	440	445	
gtg cag ctg ctc cgc cag cac agc agc ccc tgg cag gtg tac ggc ttc			1392
Val Gln Leu Leu Arg Gln His Ser Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe			
450	455	460	
gtg cgg gcc tgc ctg cgc cgg ctg gtg ccc cca ggc ctc tgg ggc tcc			1440

Val	Arg	Ala	Cys	Leu	Arg	Arg	Leu	Val	Pro	Pro	Gly	Leu	Trp	Gly	Ser	
465				470				475			480					
agg	cac	aac	gaa	cgc	cgc	ttc	ctc	agg	aac	acc	aag	ttc	atc	tcc		1488
Arg	His	Asn	Glu	Arg	Arg	Phe	Leu	Arg	Asn	Thr	Lys	Lys	Phe	Ile	Ser	
				485				490			495					
ctg	ggg	aag	cat	gcc	aag	ctc	tcg	ctg	cag	gag	ctg	acg	tgg	aag	atg	1536
Leu	Gly	Lys	His	Ala	Lys	Leu	Ser	Leu	Gln	Glu	Leu	Thr	Trp	Lys	Met	
				500				505			510					
agc	gtg	cgg	gac	tgc	gct	tgg	ctg	cgc	agg	agc	cca	ggg	gtt	ggc	tgt	1584
Ser	Val	Arg	Asp	Cys	Ala	Trp	Leu	Arg	Arg	Ser	Pro	Gly	Val	Gly	Cys	
				515				520			525					
gtt	ccg	gcc	gca	gag	cac	cgt	ctg	cgt	gag	gag	atc	ctg	gcc	aag	ttc	1632
Val	Pro	Ala	Ala	Glu	His	Arg	Leu	Arg	Glu	Glu	Ile	Leu	Ala	Lys	Phe	
				530				535			540					
ctg	cac	tgg	ctg	atg	agt	gtg	tac	gtc	gtc	gag	ctg	ctc	agg	tct	ttc	1680
Leu	His	Trp	Leu	Met	Ser	Val	Tyr	Val	Val	Glu	Leu	Leu	Arg	Ser	Phe	
				545				550			555			560		
ttt	tat	gtc	acg	gag	acc	acg	ttt	caa	aag	aac	agg	ctc	ttt	ttc	tac	1728
Phe	Tyr	Val	Thr	Glu	Thr	Phe	Gln	Lys	Asn	Arg	Leu	Phe	Phe	Tyr		
				565				570			575					
cgg	aag	agt	gtc	tgg	agc	aag	ttg	caa	agc	att	gga	atc	aga	cag	cac	1776
Arg	Lys	Ser	Val	Trp	Ser	Lys	Leu	Gln	Ser	Ile	Gly	Ile	Arg	Gln	His	
				580				585			590					
ttg	aag	agg	gtg	cag	ctg	cgg	gag	ctg	tcg	gaa	gca	gag	gtc	agg	cag	1824
Leu	Lys	Arg	Val	Gln	Leu	Arg	Glu	Leu	Ser	Glu	Ala	Glu	Val	Arg	Gln	
				595				600			605					

cat	cgg	gaa	gcc	agg	ccc	gcc	ctg	ctg	acg	tcc	aga	ctc	cgc	ttc	atc	1872
His	Arg	Glu	Ala	Arg	Pro	Ala	Leu	Leu	Thr	Ser	Arg	Leu	Arg	Phe	Ile	
	610			615					620							
ccc	aag	cct	gac	ggg	ctg	cgg	ccg	att	gtg	aac	atg	gac	tac	gtc	gtg	1920
Pro	Lys	Pro	Asp	Gly	Leu	Arg	Pro	Ile	Val	Asn	Met	Asp	Tyr	Val	Val	
	625				630				635			640				/
gga	gcc	aga	acg	ttc	cgc	aga	gaa	aag	agg	gcc	gag	cgt	ctc	acc	tcg	1968
Gly	Ala	Arg	Thr	Phe	Arg	Arg	Glu	Lys	Arg	Ala	Glu	Arg	Leu	Thr	Ser	
		645				650			655							
agg	gtg	aag	gca	ctg	ttc	agc	gtg	ctc	aac	tac	gag	cgg	gcg	cgg	cgc	2016
Arg	Val	Lys	Ala	Leu	Phe	Ser	Val	Leu	Asn	Tyr	Glu	Arg	Ala	Arg	Arg	
		660			665			670								
ccc	ggc	ctc	ctg	ggc	gcc	tct	gtg	ctg	ggc	ctg	gac	gat	atc	cac	agg	2064
Pro	Gly	Leu	Leu	Gly	Ala	Ser	Val	Leu	Gly	Leu	Asp	Asp	Ile	His	Arg	
		675			680			685								
gcc	tgg	cgc	acc	ttc	gtg	ctg	cgt	gtg	cgg	gcc	cag	gac	ccg	ccg	cct	2112
Ala	Trp	Arg	Thr	Phe	Val	Leu	Arg	Val	Arg	Ala	Gln	Asp	Pro	Pro	Pro	
		690			695			700								
gag	ctg	tac	ttt	gtc	aag	gtg	gat	gtg	acg	ggc	gcg	tac	gac	acc	atc	2160
Glu	Leu	Tyr	Phe	Val	Lys	Val	Asp	Val	Thr	Gly	Ala	Tyr	Asp	Thr	Ile	
		705			710			715			720					
ccc	cag	gac	agg	ctc	acg	gag	gtc	atc	gcc	agc	atc	atc	aaa	ccc	cag	2208
Pro	Gln	Asp	Arg	Leu	Thr	Glu	Val	Ile	Ala	Ser	Ile	Ile	Lys	Pro	Gln	
			725			730			735							
aac	acg	tac	tgc	gtg	cgt	cgg	tat	gcc	gtg	gtc	cag	aag	gcc	gcc	cat	2256
Asn	Thr	Tyr	Cys	Val	Arg	Arg	Tyr	Ala	Val	Val	Gln	Lys	Ala	Ala	His	

740	745	750	
ggg cac gtc cgc aag gcc ttc aag agc cac gtc tct acc ttg aca gac			2304
Gly His Val Arg Lys Ala Phe Lys Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp			
755	760	765	
ctc cag ccg tac atg cga cag ttc gtg gct cac ctg cag gag acc agc			2352
Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln Phe Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser			
770	775	780	
ccg ctg agg gat gcc gtc gtc atc gag cag agc tcc tcc ctg aat gag			2400
Pro Leu Arg Asp Ala Val Val Ile Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu			
785	790	795	800
gcc agc agt ggc ctc ttc gac gtc ttc cta cgc ttc atg tgc cac cac			2448
Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp Val Phe Leu Arg Phe Met Cys His His			
805	810	815	
gcc gtg cgc atc agg ggc aag tcc tac gtc cag tgc cag ggg atc ccg			2496
Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys Ser Tyr Val Gln Cys Gln Gly Ile Pro			
820	825	830	
cag ggc tcc atc ctc tcc acg ctg ctc tgc agc ctg tgc tac ggc gac			2544
Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Leu Cys Ser Leu Cys Tyr Gly Asp			
835	840	845	
atg gag aac aag ctg ttt gcg ggg att cgg cgg gac ggg ctg ctc ctg			2592
Met Glu Asn Lys Leu Phe Ala Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu Leu Leu			
850	855	860	
cgt ttg gtg gat gat ttc ttg ttg gtg aca cct cac ctc acc cac gcg			2640
Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu Val Thr Pro His Leu Thr His Ala			
865	870	875	880
aaa acc ttc ctc agg acc ctg gtc cga ggt gtc cct gag tat ggc tgc			2688

Lys	Thr	Phe	Leu	Arg	Thr	Leu	Val	Arg	Gly	Val	Pro	Glu	Tyr	Gly	Cys	
																885
																890
																895
gtg	gtg	aac	ttg	cgg	aag	aca	gtg	gtg	aac	ttc	cct	gta	gaa	gac	gag	2736
Val	Val	Asn	Leu	Arg	Lys	Thr	Val	Val	Asn	Phe	Pro	Val	Glu	Asp	Glu	
																900
																905
																910
gcc	ctg	ggt	ggc	acg	gct	ttt	gtt	cag	atg	ccg	gcc	cac	ggc	cta	ttc	2784
Ala	Leu	Gly	Gly	Thr	Ala	Phe	Val	Gln	Met	Pro	Ala	His	Gly	Leu	Phe	
																915
																920
																925
ccc	tgg	tgc	ggc	ctg	ctg	ctg	gat	acc	cg	acc	ctg	gag	gtg	cag	agc	2832
Pro	Trp	Cys	Gly	Leu	Leu	Leu	Asp	Thr	Arg	Thr	Leu	Glu	Val	Gln	Ser	
																930
																935
																940
gac	tac	tcc	agc	tat	gcc	cg	acc	tcc	atc	aga	gcc	agt	ctc	acc	ttc	2880
Asp	Tyr	Ser	Ser	Tyr	Ala	Arg	Thr	Ser	Ile	Arg	Ala	Ser	Leu	Thr	Phe	
																945
																950
																955
																960
aac	cgc	ggc	ttc	aag	gct	ggg	agg	aac	atg	cgt	cgc	aaa	ctc	ttt	ggg	2928
Asn	Arg	Gly	Phe	Lys	Ala	Gly	Arg	Asn	Met	Arg	Arg	Lys	Leu	Phe	Gly	
																965
																970
																975
gtc	ttg	cgg	ctg	aag	tgt	cac	agc	ctg	ttt	ctg	gat	ttg	cag	gtg	aac	2976
Val	Leu	Arg	Leu	Lys	Cys	His	Ser	Leu	Phe	Leu	Asp	Leu	Gln	Val	Asn	
																980
																985
																990
agc	ctc	cag	acg	gtg	tgc	acc	aac	atc	tac	aag	atc	ctc	ctg	ctg	cag	3024
Ser	Leu	Gln	Thr	Val	Cys	Thr	Asn	Ile	Tyr	Lys	Ile	Leu	Leu	Gln		
																995
																1000
																1005
gcg	tac	agg	ttt	cac	gca	tgt	gtg	ctg	cag	ctc	cca	ttt	cat	cag	caa	3072
Ala	Tyr	Arg	Phe	His	Ala	Cys	Val	Leu	Gln	Leu	Pro	Phe	His	Gln	Gln	
																1010
																1015
																1020

gtt tgg aag aac ccc aca ttt ttc ctg cgc gtc atc tct gac acg gcc 3120
Val Trp Lys Asn Pro Thr Phe Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp Thr Ala
1025 1030 1035 1040
tcc ctc tgc tac tcc atc ctg aaa gcc aag aac gca ggg atg tcg ctg 3168
Ser Leu Cys Tyr Ser Ile Leu Lys Ala Lys Asn Ala Gly Met Ser Leu
1045 1050 1055
ggg gcc aag ggc gcc ggc ggc cct ctg ccc tcc gag gcc gtg cag tgg 3216
Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly Pro Leu Pro Ser Glu Ala Val Gln Trp
1060 1065 1070
ctg tgc cac caa gca ttc ctg ctc aag ctg act cga cac cgt gtc acc 3264
Leu Cys His Gln Ala Phe Leu Leu Lys Leu Thr Arg His Arg Val Thr
1075 1080 1085
tac gtg cca ctc ctg ggg tca ctc agg aca gcc cag acg cag ctg agt 3312
Tyr Val Pro Leu Leu Gly Ser Leu Arg Thr Ala Gln Thr Gln Leu Ser
1090 1095 1100
cg^g aag ctc ccg ggg acg acg ctg act gcc ctg gag gcc gca gcc aac 3360
Arg Lys Leu Pro Gly Thr Thr Leu Thr Ala Leu Glu Ala Ala Ala Asn
1105 1110 1115 1120
ccg gca ctg ccc tca gac ttc aag acc atc ctg gac 3396
Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe Lys Thr Ile Leu Asp
1125 1130
<210> 33
<211> 21
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 33

ttggcttcca ggcataatt g

21

<210> 34

<211> 20

/

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 34

aagaggcag atctatcgga

20

<210> 35

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 35

atggatctcc tgaaggtgct

20

<210> 36

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 36

aagaggcag atctatcgga 20

<210> 37

/

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 37

ggaagagtga gcggccatca agg 23

<210> 38

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 38

ctgctggaga ggttattcct cg 22

<210> 39

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 39
/gccaacaccā acctgtccaa gttc 24
<210> 40
<211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 40
tgcaaaggct ccaggtctga gggc 24
<210> 41
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 41
ctctctctcc tcaggacaa 19
<210> 42
<211> 22

<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 42 /
tggagcaaaa cagaatggct gg 22
<210> 43
<211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 43
ctgagatgtc tctctcttc ttag 24
<210> 44
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 44
acaatgactg atgagagatg 20
<210> 45

<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence /
<400> 45
cagacctgaa ggagacct 18
<210> 46
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 46
gtcagcgtaa acagttgc 18
<210> 47
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 47
gccagaagg ggatagaagg 20

<210> 48
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 48
ctgtggttca gggctcagtc 20
<210> 49
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 49
cagtggagct ggacaaagcc 20
<210> 50
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 50

tagcgacgg tctggaacca 20
<210> 51
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

ctgtcatctc actatggca 20
<210> 52
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 52

ccaagtccga gcaggaattt 20
<210> 53
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 53
aagacgtcaa gccctttgtg 20
<210> 54
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 54
aaaggagcac actttggtgg 20
<210> 55
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence
<400> 55
agcaagaata cgatgccatc 20
<210> 56
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: artificially

synthesized primer sequence

<400> 56

gaagggtgg tggtaacggtc

20

<210> 57

<211> 20

<212> DNA /

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 57

tggaaatggc tatgtcagtg

20

<210> 58

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 58

ctggtaatct gtgttgtagg

20

<210> 59

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 59

caagggcctc tccaaacttg

20

<210> 60

<211> 20

/

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: artificially synthesized primer sequence

<400> 60

gccccagaga cagcattcca

20